ÇANKIRI KARATEKİN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

YENİ NESİL DİZİLEME TEKNOLOJİSİ İLE ZEYTİNİN (*Olea europea* L. *cv*. Ayvalık) PEDİSEL DOKUSUNUN TRANSKRİPTOM DİZİLEMESİ

ÜMMMÜGÜLSÜM TANMAN ZIPLAR

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

ÇANKIRI
2015

Her hakkı saklıdır

TEZ ONAYI

Ümmügülsüm TANMAN ZIPLAR tarafından hazırlanan ''Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi ile Zeytinin (*Olea europea* l. *cv*. Ayvalık) Pedisel Dokusunun Transkriptom Dizilemesi'' adlı tez çalışması 17.08.2015 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Çankırı Karatekin Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Doç Dr. Mine TÜRKTAŞ

Jüri Üyeleri :

Başkan: Doç. Dr. Turgay ÜNVER

Üye: Doç. Dr. Mine TÜRKTAŞ

Üye: Yrd. Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU

Yukarıdaki sonucu onaylarım

Prof. Dr. Sezgin ÖZDEN

Enstitü Müdürü

09 /09/ 2015

Kontrol edilmiştir.

Yunus Tuğberk SANALP

Bilgisayar İşletmeni

ÖZET

Yüksek lisans tezi

YENİ NESİL DİZİLEME TEKNOLOJİSİ İLE ZEYTİNİN (*Olea europea* L. cv. Ayvalık) PEDİSEL DOKUSUNUN TRANSKRİPTOM DİZİLEMESİ

Ümmmügülsüm TANMAN ZIPLAR

Çankırı Karatekin Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Doç.Dr. Mine TÜRKTAŞ

Zeytin (*Olea europea* L.) ağacı, Akdenizi simgeleyen bir kültürün parçası olmasının yanı sıra, oluşturduğu meyvesi ve bu meyveden elde edilen yağı ile ekonomik olarak çok değerli bir bitkidir. Bu çalışmada meyve ile ağaç arasındaki bağlantıyı sağlayan pedisel dokusunun gelişiminin moleküler mekanizmasını anlamak, bitkide fotosentez sonucu oluşan metabolitlerin zeytin meyvesine taşınımını sağlayan genetik mekanizmaları ortaya çıkarmak ve absisyon olayında etkili genetik faktörleri belirlemek için ham (Temmuz ayına ait), olgun (Kasım ayına ait) pedisel dokularından total RNA izole edilerek, yeni nesil dizileme teknolojisi Roche 454 GS FLX+ cihazı ile transkriptom dizileme çalışması yapılmıştır. Daha önce zeytinde pedisel dokusuna ait böyle bir çalışma yapılmamıştır. Dizileme sonucunda toplamda 164.733 okuma elde edilmiştir. Bu okumalar birleştirilerek biyoinformatik analizler yapılmış, elde edilen genler sınıflandırılarak tanımlanmıştır.

2015, 250 sayfa

ANAHTAR KELİMELER: Zeytin (*Olea europea* L.), pedisel, absisyon, yeni nesil dizileme teknolojisi, transkriptom

ABSTRACT

M.S. Thesis

Ümmügülsüm TANMAN ZIPLAR

Cankiri Karatekin University
Institute of Science
Department of Biology

Supervisors: Assoc. Prof. Dr. Mine TÜRKTAŞ

In addition to being part of a culture that symbolizes the Mediterranean, the olive (*Olea europea*L.) tree with its oil obtained from the fruit and its fruit is economically a very valuable plant. In this study, transcriptome sequencing work is performed by isolating total RNA from the mature (belongs to month of december) and underripe (belongs to month of july) pedicel tissues by means of the the new generation sequencing technology device Roche 454 GS FLX+ to understand molecular mechanisim of the development of the pedicel tissue providing link between fruit and tree, to reveal the genetic mechanisms allowing metabolites forming as a result of photosynthesis in plant to be carried to the olive tree and to determine genetic factors effective in the event of abscission. Such a study related to the pedicel tissue of olive has not been done before.164.733 reading in total has been obtained as a result of sequencing. Bioinformatics analyses has been made incorporating these readings and the genes obtained were classified and defined.

2015, 250 pages

Key Words: Olive (*Olea europea* L.), pedicel, abscission, next-generation sequencing technologies, transcriptome

ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR

‘’Yeni nesil dizileme teknolojisi ile zeytinin (*Olea europea* L. *cv*. Ayvalık) pedisel dokusunun transkriptom dizilemesi’’ adlı bu çalışma 2014-2015 yılları arasında Çankırı Karatekin Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsüne ‘’Yüksek Lisans Tezi’’ olarak sunulmuştur. Bu araştırmanın amacı, zeytinde ham ve olgun pedisel dokusunda karşılaştırmalı transkriptom analizi yaparak, pedisel dokusunun gelişiminde etkili, bitkide oluşan metabolitlerin hücre içine taşınımında görevli, absisyon olayının oluşmasını sağlayan moleküler mekanizmaların aydınlatılmasıdır.

Bu arastırmayı yüksek lisans tezi olarak veren, tez çalışmasının başlangıcından bitimine kadar her türlü katkı ve yardımlarını esirgemeyen, yakın ilgi ve önerileri ile beni yönlendiren değerli danışman hocam Doç. Dr. Mine TÜRKTAŞ’a teşekkürlerimi sunarım. Yüksek lisans boyunca yaptığım tüm çalışmaların yönlendirilmesi ve yürütülmesinde maddi ve manevi tüm imkânlarını kullandırarak kıymetli fikirlerini sunan değerli hocam Doç.Dr Turgay ÜNVER’e sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Eleştiri ve katkılarıyla çalışmalarıma destek olan değerli hocam Yrd. Doç.Dr. Tuğba GÜRKÖK’ e teşekkürlerimi sunarım. Çankırı Karatekin Üniversitesi Moleküler Biyoloji Laboratuvarı’nda çalışmalara başladığım günden bugüne kadar yakın ilgi, destek ve pozitif enerjileriyle çalışmalarıma katkıda bulunan kıymetli yüksek lisans arkadaşlarım Emine AÇAR’a, Günseli BABAOĞLU’na, Yağız ALAGÖZ’e, Yusuf PEKMEZCİ’ye, Öğretim Görevlileri Ebru DERELLİ ve Esma ÖZHÜNER’e, Yrd. Doç.Dr Behcet İNAL’a, teşekkürü bir borç billirim.

Bu çalışmayı FF120120035L20 numaralı proje ile destekleyen Çankırı Karatekin Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projesi (BAP) Koordinasyon Birimi’ne, pedisel dokusunun temin edilmesinde yardımcı olan ‘İzmir Zeytincilik Enstitüsüne’ teşekkürlerimi sunarım.

Bu aşamaya gelmemde bana emeği geçen tüm hocalarıma, hakkı hiçbir zaman ödenemeyecek olan anneme, babama ve sevgili kardeşime, maddi ve manevi desteğiyle yanımda olduğunu hissettiren ve çalışmalarımdan dolayı zamanından çaldığım değerli eşim Yrd. Doç.Dr Evren ZIPLAR’ a şükranlarımı sunarım.

Ümmügülsüm TANMAN ZIPLAR

Çankırı, Ağustos 2015

İÇİNDEKİLER

ÖZET ..... **i**
ABSTRACT ..... **iv**
ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR ..... **v**
İÇİNDEKİLER ..... **vi**
SİMGELER DİZİNİ ..... **xi**
ŞEKİLLER DİZİNİ ..... **xii**
ÇİZELGELER DİZİNİ ..... **xiii**
1. GİRİŞ **1**
1.1 Zeytin (*Olea europaea* L. *cv*. Ayvalık) **1**
2. KURAMSAL TEMELLER **12**
3. MATERYAL METHOD **15**
3.1 Materyal **15**
3.2 RNA İzolasyonları **15**
3.3 İzole Edilen RNA'ların Yıkanması **16**
3.4 İzole Edilen ve Yıkama İşlemi Yapılan RNA'ların Ölçümü **17**
3.5 Dizileme İçin cDNA Kütüphanesinin Oluşturulması **17**
3.6 RNA'ların Parçalanması **17**
3.7 Çift iplikli cDNA sentezi **18**
3.8 Çift iplikli cDNA'nın pürifikasyonu **19**
3.9 Parça uçlarının tamir edilmesi **20**
3.10 Adaptör ligasyonu **20**
3.11 cDNA kütüphanesinden küçük parçaların uzaklaştırılması **20**
3.12 cDNA ların Sulandırılarak Bölünmesi **21**
3.13 Emülsiyon PZR İle Klonal Çoğalma Reaksiyonu **21**
3.14 Küçük Hacim için Emülsiyon (Small Volume Emulsion) (1xSVE) Stratejisi **22**
3.15 EmPZR Klonal Çoğalımının Kullanımında Uygun Kütüphane Miktarının Belirlenmesi **22**
3.16 Emülsiyon Titrasyonu **22**
3.16.1 Reaktiflerin hazırlanması **23**
3.16.2 Emülsiyon yağının hazırlanması **23**

3.16.3 Mock amplifikasyon mix'inin hazırlanması ve emülsiyon öncesi hazırlıkların yapılması 24
3.16.4 Live amplifikasyon mix'inin hazırlanması 24
3.16.5 DNA kütüphanesini yakalama 24
3.16.6 Emülsüfikasyon 25
3.16.7 Çoğaltım (amplifikasyon) 25
3.16.8 Çoğaltım reaksiyonu (amplifikasyon reaksiyonu) 25
3.17 Boncuk Toplama (bead recovery) 26
3.17.1 Emülsiyonu toplama ve ilk yıkama 26
3.17.2 Boncuk yıkama ve kurtarma 26
3.18 DNA Kütüphane Boncuklarının Zenginleştirilmesi 27
3.18.1 Zenginleştirme boncuklarının hazırlanması 27
3.18.2 DNA taşıyan boncukların (DNA carrying beads) zenginleştirilmesi 27
3.18.3 Zenginleştirilmiş DNA boncuklarının toplanması 28
3.19 Örneklerin emPCR Çoğalımı 28
3.19.1 DNA kütüphanesini yakalama 29
3.19.2 Emülsüfikasyon 30
3.19.3 Çoğaltım (amplifikasyon) 30
3.20 Boncuk Toplama (bead recovery) 31
3.21 DNA Kütüphane Boncuklarının Zenginleştirilmesi 31
3.21.1 Zenginleştirme boncuklarının hazırlanması 32
3.21.2 DNA taşıyan boncukların (DNA carrying beads) zenginleştirilmesi 32
3.21.3 Zenginleştirilmiş DNA boncuklarının toplanması 33
3.21.4 Sekans primerinin bağlanması 33
3.22 GS FLX+ Cihazı İle Transkriptom Dizileme 34
3.22.1 Doğru picotiterplate (PTP) seçimi 34
3.22.2 Reaktifler ve titanium bead buffer 35
3.22.3 Ön yıkama 35
3.22.4 Enzyme bead wash (EB wash) ve bead buffer 2 (BB2) hazırlığı 35
3.22.5 PicoTiterPlate (PTP) hazırlığı 35
3.22.6 Boncukların (Beads) hazırlanması 35
3.22.7 Boncuk tabakalarının (bead layers) hazırlanması 36

3.22.8 Paketleme boncuklarının (packing beads) hazırlanması 36
3.22.9 DNA boncuklarının (DNA beads) hazırlanması 37
3.22.10 Enzyme ve PPiase boncuklarının hazırlanması 37
3.22.11 PTP cihazının ıslatılması 38
3.22.12 Boncuk tabakası 1'in (bead layer 1) yüklenmesi.....38
3.22.13 Boncuk tabakası 2' nin (bead layer 2) yüklenmesi 38
3.22.14 Boncuk tabakası 3'ün (bead layer 3) yüklenmesi 39
3.22.15 Boncuk tabakası 4'ün (bead layer 4) yüklenmesi 39
3.22.16 Dizileme reaktiflerinin hazırlanması ve dizilemenin başlatılması.....39
3.23 Dizilerin Biyoinformatik Analizi 39
3.24 Gerçek Zamanlı PZR Analizi.....46
3.24.1 Tek zincirli cDNA oluşturulması 46
3.24.2 Primerlerin çalışma koşullarının optimizasyonu 47
3.24.3 Gerçek zamanlı PZR.....47
3.24.4 Sonuçların analizi.....48
4. BULGULAR VE SONUÇLAR 49
4.1 Ayvalık Temmuz ve Kasım Pedisellerin RNA izolasyon Sonuçları 49
4.2 Ayvalık Temmuz ve Kasım Pedisel RNA larının Yıkama Sonuçları 50
4.2.1 Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının yıkama sonucu.....51
4.2.2 Ayvalık Kasım pedisel RNA'larının yıkama sonuçları 52
4.2.2.1 Ayvalık Kasım pedisel 3. ağaç.....53
4.2.2.2 Ayvalık Kasım Pedisel RNA larınn birleştirilmesi 54
4.3 Parçalama İçin Alınan RNA ve Su Miktarı.....55
4.4 RNA Parçalama Sonuçları 55
4.5 Sentezletilen cDNA oranları.....56
4.6 Hazırlanan cDNA ların biyoanalizör sonuçları.....57
4.7 cDNA ların Sulandırılarak Bölünmesi.....59
4.8 Emülsiyon Titrasyonunda Kullanılan Test Örnekleri.....60
4.9 Test Örneklerinin İlk Ölçülen Miktarı ve Toplam Boncuk Yüzdesi.....60
4.10 Test Örneklerinin zenginleştirme sonucu ölçülen miktarı ve toplam boncuk yüzdesi 61
4.11 Boncuk Başına Düşen Hedef Molekül ve Zenginleşme Yüzdesi 61

4.12 emPZR Klonal Çoğalımında Kullanılacak Örnek Miktarı.....62

4.13 Dizileme için kullanılan örneklerin ilk ölçülen miktar ve değerleri.....62

4.14 Dizileme için Kullanılan Örneklerin Zenginleştirme Sonucu Ölçülen Miktar ve Değerleri.....63

4.15 Dizileme İçin Belirlenen Örnek Miktarları.....63

4.16 Dizileme Sonuçları.....64

4.16.1 Okuma sonuçları.....64

4.16.2 Okumaların birleştirilmesi.....66

4.16.3 Okumaların GS Mapper programı ile birleştirilmesi.....67

4.17 Biyoinformatik analiz sonuçları.....69

4.17.1 Temmuz ve Kasım kütüphanelerinde ortak ifade edilen genler.....69

4.17.2 Temmuz pedisel dokusunda farklı ifade edilen genler.....71

4.17.3 Kasım pedisel dokusunda farklı ifade edilen genler.....78

4.17.4 RPKM sonucu.....81

4.17.5 Gen atıflandırılması ve fonksiyonel sınıflandırma sonucu.....90

4.17.5.1. Kütüphaneleri oluşturan transkriptlerin hücresel bileşenler açısından değerlendirilmesi.....90

4.17.5.2. Kütüphaneleri oluşturan transkriptlerin moleküler fonksiyonları açısından değerlendirilmesi.....92

4.17.5.3. Kütüphaneleri oluşturan transkriptlerin biyolojik işlevleri açısından değerlendirilmesi.....94

.....95

4.18 Gerçek Zamanlı PZR Analizi.....96

4.18.1 Gerçek Zamanlı PZR analizi için belirlenen genler.....96

4.18.3 Tek zincirli cDNA oluşturulması.....98

4.18.4 Primerlerin çalışma koşullarının optimizasyonu.....99

4.18.5 Gerçek zamanlı PZR.....99

4.18.6 Sonuçların analizi.....100

5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....104

5.1 Roche 454 FLX+ ile Transkriptom Dizilenmesi.....104

5.2 Dizileme Sonuçlarının Değerlendirilmesi.....104

5.3 Kütüphanelerde İfade edilen Gen Anotasyonlarının Karşılaştırılması.....105

5.3.1 Kütüphaneleri oluşturan transkriplerin hücresel yapı anotasyonlarına göre değerlendirilmesi 106

5.3.2 Kütüphaneleri oluşturan transkriplerin moleküler fonksiyon anotasyonlarına göre değerlendirilmesi 108

5.3.3 Kütüphaneleri oluşturan transkriplerin hücresel işlev anotasyonlarına göre değerlendirilmesi 110

5.3.4 Ortak ifade edilen genlerde farklılıkların değerlendirilmesi 112

5.4 Sadece Tek Bir Kütüphanede İfade Edildiği Belirlenen Genlerin Değerlendirilmesi 114

5.5 Blast Sonuçlarına Göre Organizmalar Arasındaki Benzerlik Durumunun Değerlendirilmesi 117

5.6 Gerçek Zamanlı PZR Analiz Sonuçlarının Değerlendirilmesi 117

5.7 Sonuç 119

KAYNAKLAR 120

EKLER 129

Ek 1 129

Ek 2 142

Ek 3 169

Ek 4 202

Ek 6 222

Ek 7 236

ÖZGEÇMİŞ 237

SİMGELER DİZİNİ

Bç	Baz çifti
cDNA	Komplementer deoksiribonükleik asit
°C	Santigrat
dk	Dakika
DNA	Deoksiribonükleik asit
EST	İfade edilmiş dizi etiketleri
GO	Gen ontolojisi
EmPCR	Emülsiyon PCR
KEGG	Kyoto Gen ve Genom Ansiklopedisi
mg	Miligram
mRNA	mesajcı RNA (messenger RNA)
ml	Mililitre
MPC	manyetik boncuk seperatörü
NCBI	Ulusal Biyoteknoloji Bilişim Teknolojisi
ng	Nanogram
PCR	Polimeraz zincir reaksiyonu
pmol	Pikomol
PTP	Pico Titrasyon Plakası
qRT-PCR	Real Time (Gerçek zamanlı) PCR
RNA	Ribonükleik asit
rpm	Dakikadaki devir sayısı
RT	Ters transkriptaz
sn	Saniye
sff	Standard flowgram format
Taq	*Thermus aquaticus*
TF	Transkripsiyon Faktör

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1 Zeytin üretiminin dünyada yayılışı…….……..…..…...….3
Şekil 1.2 Bir dokuda bulunan gen transkriptlerinin tümü……...….....…..5
Şekil 1.3 Zeytinde yağ biyosentezi mekanizması…….....10
Şekil 3.23 RNA dizileme sonucu oluşan okumaların birleştiriilmesi …...…….....….41
Şekil 4.1.1 Ayvalık Temmuz pedisel RNA 'larının jel görüntüsü…….….....50
Şekil 4.1.2 Ayvalık Kasım pedisel RNA 'larının jel görüntüsü……..……50
Şekil 4.2.1.1 Yıkaması yapılan Ayvalık Temmuz pedisel RNA'larının jel görüntüsü..51
Şekil 4.2.2.1 Yıkaması yapılan Ayvalık Kasım pedisel RNA'larının jel görüntüsü …..53
Şekil 4.2.2.1.1 Yıkaması yapılan Ayvalık Kasım pedisel üçüncü ağaca ait jel görüntüsü …….54
Şekil 4.2.2.2.1 Birleştirilerek oluşturulmuş Ayvalık Kasım pedisel RNA larınn jel görüntüsü ……55
Şekil 4.4.1 Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının Agilent, Biyoanalizör'de ölçülmüş parçalama görüntüsü ……..56
Şekil 4.4.2 Ayvalık Kasım pedisel RNA larının Agilent, Biyoanalizör'de ölçülmüş parçalama görüntüsü ……..56
Şekil 4.6.1 Ayvalık Temmuz Pedisel cDNA larının biyoanalizör görüntüsü ……58
Şekil 4.6.2 Ayvalık Kasım pedisel cDNA larınn bioanalyzör görüntüsü ……..59
Şekil 4.16. 1 Temmuz (1) ve Kasım pedisel (2) örneklerine ait kemilüminesan sinyallller ……65
Şekil 4.16.2 Roche 454 FLX+ cihazı ile dizilenen Temmuz ve Kasım Pedisel dokusuna ait okumaların uzunluk dağılımı……...……..66
Şekil 4.17.5.1.1 Temmuz pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin oluşturduğu hücresel yapılar……91
Şekil 4.17.5.1.2 Kasım pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin oluşturduğu hücresel yapılar……..92
Şekil 4.17.5.2.1 Temmuz pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin moleküler fonksiyonları açısından sınıflandırılması…….93
Şekil 4.17.5.2.2 Kasım pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin moleküler fonksiyonları açısından sınıflandırılması…….94
Şekil 4.17.5.3.1 Temmuz pedisel dokusunda biyolojik işlevde görev alan tarnakriptlerin dağılımı……...……..95
Şekil 4.17.5.3.2 Kasım pedisel dokusunda biyolojik işlevde görev alan tarnakriptlerin dağılımı……..……..96
Şekil 4.18.3.1 Sentezletilen cDNA'ların yarı nicel analizi ve çalışma koşullarının kontrolü için 1/5, 1/10, 1/20 sulandırmaları su ile yapılarak, housekeeping bir gen olan 18S Ribosomal RNA primeri ile yapılan PZR görüntüsü……..……98
Şekil 4.18.4. 1 Primerlerin 55℃ sıcaklıkta bant verme durumları ……99
Şekil 4.18.6.1 Eş zamanlı PZR analiz sonuçlarına göre genlerin ifade seviyelerini gösteren grafikler…….…..103
Şekil 5.3.4.1 Temmuz ve Kasım ayına ait pedisel dokularında ortak ifade edilen genlerin seviyelerine göre farklılıkları …….122

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1 Yeni nesil dizileme sistemlerinin karşılaştırılması …….……7
Çizelge 4.1.1 Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu …….……..49
Çizelge 4.1.2 Ayvalık Kasım pedisel RNA larının nanodrop ND-2100c, Thermo) sonucu …….49
Çizelge 4.2.1.1 Yıkaması yapılan Ayvalık temmuz pedisel RNA'larının nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu…….……..51
Çizelge 4.2.2.1 Yıkaması yapılan Ayvalık kasım pedisel RNA'larının nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu …….……52
Çizelge 4.2.2.1.1 Yıkaması yapılan Ayvalık kasım pedisel üçüncü ağaca ait nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu……...53
Çizelge 4.2.2.2.1 Birleştirilerek oluşturulmuş Ayvalık kasım pedisel RNA larınn nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu……..54
Çizelge 4.3.1 Parçalama için alınan RNA ve su miktarı …….55
Çizelge 4.5.1 Sentezletilen cDNA oranları ……...57
Çizelge 4.7.1 Çalışma stoğu için hazırlanan örneklerin cDNA ve TE tampon çözeltisi oranı ……...59
Çizelge 4.8.1 Emülsiyon titrasyonunda kullanılan test örnekleri ……..60
Çizelge 4.9.1 Test örneklerinin ilk ölçülen miktarı ve toplam boncuk yüzdesi ……...60
Çizelge 4.10.1 Test Örneklerinin zenginleştirme sonucu ölçülen miktarı ve toplam boncuk yüzdesi ……...61
Çizelge 4.11.1 Örneklerin boncuk başına düşen hedef molekül sayısı ve zenginleşme yüzdesi ……62
Çizelge 4.12.1 emPZR klonal çoğalımında kullanılacak örnek miktarı ……62
Çizelge 4.13.1 Dizileme için kullanılan örneklerin ilk ölçülen miktar ve değerleri …63
Çizelge 4.14.1 Dizileme için kullanılan örneklerin zenginleştirme sonucu ölçülen miktar ve değerleri ……63
Çizelge 4.15.1. Dizileme için belirlenen örnek miktarları ……....64
Çizelge 4.16.1.1 Dizileme sonuçları ……..65
Çizelge 4.16.2.1 Okunan parçaların GS de nova Assembler programında birleştirme sonuçları ……..66
Çizelge 4.16.3.1 Haritalama için kullanılan reference genomun bilgileri ……....67
Çizelge 4.16.3.2 Haritalama sonucu oluşan birleştirme değerleri ……68
Çizelge 4.17.1.1 Temmuz ve kasım pedisel dokularında ortak ifade edilen genler ve bu dokuların birbirine kıyasla belirlenen kat artışları ……..69
Çizelge 4.17.2.1 Temmuz pedisel dokusunda farklı ifade edilen genler ……...71
Çizelge 4.17.3.1 Kasım pedisel dokusunda farklı ifade edilen genler ……..79
Çizelge 4.17.4.1 Sadece Temmuz kütüphanesinde ifade değeri olan transkriptlerin RPKM değerleri ……..82
Çizelge 4.17.4.2 Sadece Kasım kütüphanesinde ifade edilen transkriptlerin RPKM değerleri ……87
Çizelge 4.17.4.3 Kasım ve Temmuz kütüphanelerinde ortak ifade edilen genler ve ifade edilen transkriptlein Temmuz/Kasım oranı ……90
Çizelge 4.18.1.1 Primer tasarımı için seçilen genlerin Temmuz ve Kasım kütüphanelerindeki ifade seviyeleri ……...97
Çizelge 4.18.2.1 Seçilen genlere ait tasarlanan ileri ve geri primer dizileri ……..97

Çizelge 4.18.6.1 Gerçek zamnalı PZR analizi sonucunda her bir örnek için elde edilen Ct değerleri ……100

1. GİRİŞ

1.1 Zeytin (*Olea europaea* L. *cv*. Ayvalık)

Oleaceae ailesinin bir üyesi olan zeytinin (*O. europea* L.) anavatanı Güney Doğu Anadolu Bölgesini de içine alan Mezopotamya bölgesidir ve Akdeniz bitki örtüsünün karakteristik bir bitkisidir (Zoharg D. *et al.* Spiegel-roy P. 1975). Diploit kromozoma (2n=46) sahip olan zeytinin genom büyüklüğü yaklaşık 1.8Mb'dir (Alagna *et al.* 2009). 30 cins ve 600 tür olarak bilinen zeytin (Johnson 1957, Besnard *et al.* 2002) Akdeniz havzasında yetişen türler arasında döllenme yaptığı için 1200 den fazla çeşide sahiptir ve Akdeniz için ekonomik, ekolojik, kültürel olarak önemli bir bitkidir (Kaya vd. 2013).

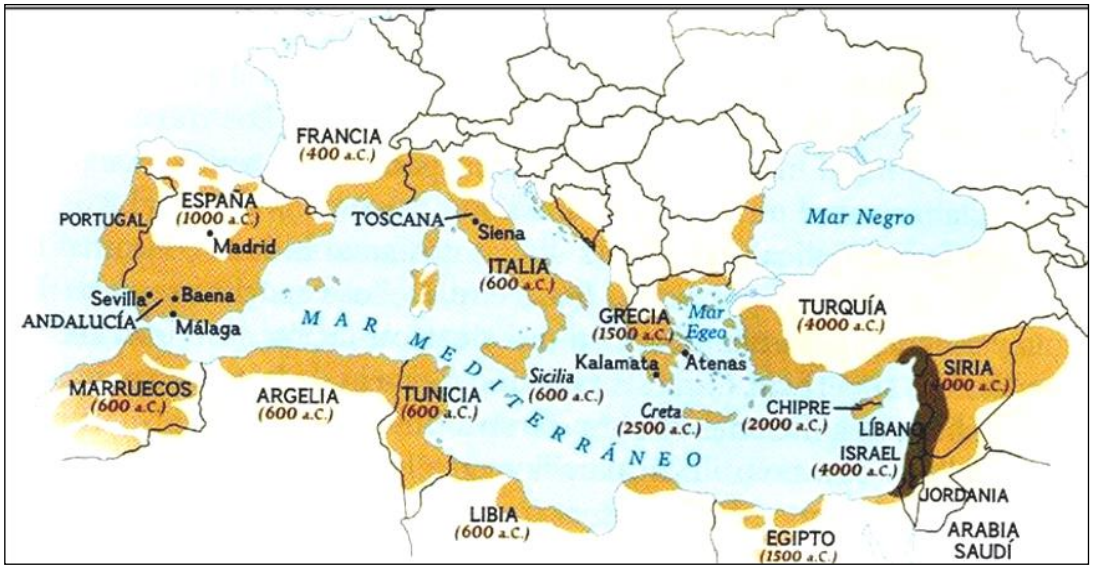
Ayvalık (*Olea europaea* L. *cv.* Ayvalık) zeytin çeşidi ise Türkiye'ye özgü zeytincilikte önemli bir kültür bitkisidir (Özkaya M.T. vd. 2014). Yağ içeriğinin fenolik kompozisyonunun çok güçlü olduğu bilinmektedir. Meyvesinde fenolik asit, fenolik alkoller, flavonoidler ve steroidler bulunmaktadır ve yağ içeriği Ca, Fe, K, Mg, P, Na bakımından zengindir **(**Kenan T vd. 2007). Meyvelerin yağ oranı (% 25) oldukça yüksektir. Yağ üretiminde kullanılmasının yanı sıra sofralık olarak da değerlendirilen bir çeşittir. Türkiye için ekonomik ve ekolojik açıdan çok değerli endemik bir zeytin çeşididir.

Zeytin ağaçlarından biyolojik devir iki yılda tamamlanmaktadır ve mahsul bir önceki yılda büyüyen sürgünler üzerinde oluşmaktadır. Ağaçlarda sürgün ve dalların gelişimi (vegetatif gelişme) ilk yılda, çiçek ve meyve bağlama (generatif gelişme) ise ikinci yılda ağırlıklı olarak gerçekleşmektedir (Shimon 2007). Bu gelişmelerin görüldüğü aylar; Haziran-Temmuz ve hasat sonrası dönem olan Mart-Nisan aylarıdır (ZAE 2010). Devam eden süreçte Şubat ayından itibaren Nisan ayına kadar çiçek tomurcuklarının oluşumu başlamaktadır. Nisan-Mayıs aylarında çiçeklenme görülmektedir ve Mayıs-Haziran aylarında meyve tutumu gözlenmektedir. Haziran-Temmuz aylarında ise meyve büyümesi başlamakta ve Eylül ayı itibariyle meyvelerde yağ birikimi gözlenmektedir. Kasım ayı ile beraber renk dönüşümü gözlenmektedir ve meyve olgunluğa ulaşmaktadır (Yanık 2013).

Meyvenin bitkiye tutunmasını sağlayan ve meyve ile bitki arasındaki bağlantıyı kuran dokuya ise pedisel denmektedir (Hickey M. and King C. 2001). Çiçekli bitki türlerinde pedisel dokusunun karakteristik özellikleri, çiçeklenme yapılarında kilit rol oynamaktadır (Yang L. *et al*. 2011). Bu dokunun gelişimi sırasında oluşan enzim aktiviteleri, meyvenin de gelişimini sağlamaktadır (Seebauer J.R *et a.l* 2015). Ham meyvenin olgun meyveye dönüşümü sırasında biriken, fotosentez sonucu oluşan tüm metabolitler meyve içerisine pedisel dokusu aracılığıyla taşınmaktadır (Shannon J.C and Dougherty C.T 1971). Bu taşınım kapasitesinin meyvenin büyüklüğünü etkilediği bilinmektedir (Zhang C. *et al.* 2005). Meyve gelişimi sırasında pedisel dokusunda moleküler ve fizyoljik değişiklikler oluşur. Moleküler anlamdaki değişiklikler gen ifade seviyelerinde oluşurken, fizyolojik değişikliler ise renk değişimi gibi gözle görülür şekilde gerçekleşmektedir. (Simone D.C. *et al*. 2011). Pedisel dokusunun yaşlanması ve meyvenin olgunlaşmasıyla absisyon olayı görülmeye başlamaktadır. Bitkilerde yaprak çiçek ve meyve gibi organların, gelişmenin değişik dönemlerinde kendiliğinden ya da çevre koşullarının etkisiyle bitkiden ayrılması olayına absisyon denmektedir (Jinn T.L *et al* 1999). Absisyon, pedisel dokusunda hücre büyümesi ile birlikte hücre duvarını oluşturan ve pektin bozumunu sağlayan enzimlerin birikmesiyle oluşan yoğun stoplazmalı hücrelerin bulunduğu bölgelerde olmaktadır (Jinn T.L *et al.* 1999**).** Bu hücreler küçük kare şeklinde bir oluşum gösterirler ve yapılarında, metabolizmalarında, gen ekspresyonularında oluşan değişiklikler ile absisyonu sağlamaktadırlar (Ming-Fang Q. *et al* 2014**).** Absisyon içsel hormonlarla da kontrol edilmektedir Genel olarak yaşlanmayı hızlandıran bitkisel hormonlar absisyonu da hızlandırmakta, yavaşlatanlar absisyonu da yavaşlatmaktadır. Örneğin yaprak yaşlanması ve meyve olgunlaşması döneminde içsel etilen artışının dökümü kolaylaştırdığı bilinmektedir (Brown K.M. 1997). Yetiştiricilikte absisyonun kontrol altında tutulması yararlıdır. Bu şekilde meyve tutumu arttırılmakta, meyve seyreltmesi yapılmakta, hasat önü dökümleri önlenmekte, hasat kolaylaştırılmaktadır. Bazı tür ve çeşitlerde meyveler hasat dönemine gelmeden önce olgunlaşmadan dökülmektedir. Bu da pazara çıkan ürün miktarını azaltmaktadır. Özellikle zeytin bitkisinde hasat şekli periyodesite olgusunu etkilemektedir. Periyodisite bazı meyve türü ve çesitlerinin bir yıl ürün verip, ertesi yıl hiç ürün vermemesi veya çok az ürün vermesi olayına denir (Turhan 2011). Dalından zor ayrılan bitkilere uygulanan

hasat şekli ağacın dallarına zarar verdiği için ertesi sene alınacak ürün miktarını çok düşürmektedir.

Zeytin üretimi Türkiye'nin de içinde bulunduğu 30 - 45 derece enlemleri arasında sınırlı bir alanda gerçekleşmektedir (Karakır vd. 1992). Zeytinin sadece Akdeniz ve benzeri iklime sahip ülkelerde yetişmesi zeytinyağı ihracatında sınırlı sayıda ülkenin söz sahibi olmasına neden olmaktadır (Şekil 1.1). Zeytin meyvesi ham ve olgun halde salamura yapılarak yenmekte, ezilerek yağı çıkarılmakta, geriye kalan kısmı ' prina ' olarak adlandırılan küspe , gübre ve hayvan yemi şeklinde değerlendirilmektedir (Öksüz vd. 1998). Kozmetik alanında da tercih edilen zeytin, teknik amaçla lambaların yakıtı , makinaların yağı, sabunun hammaddesi olarak da kullanılmaktadır.



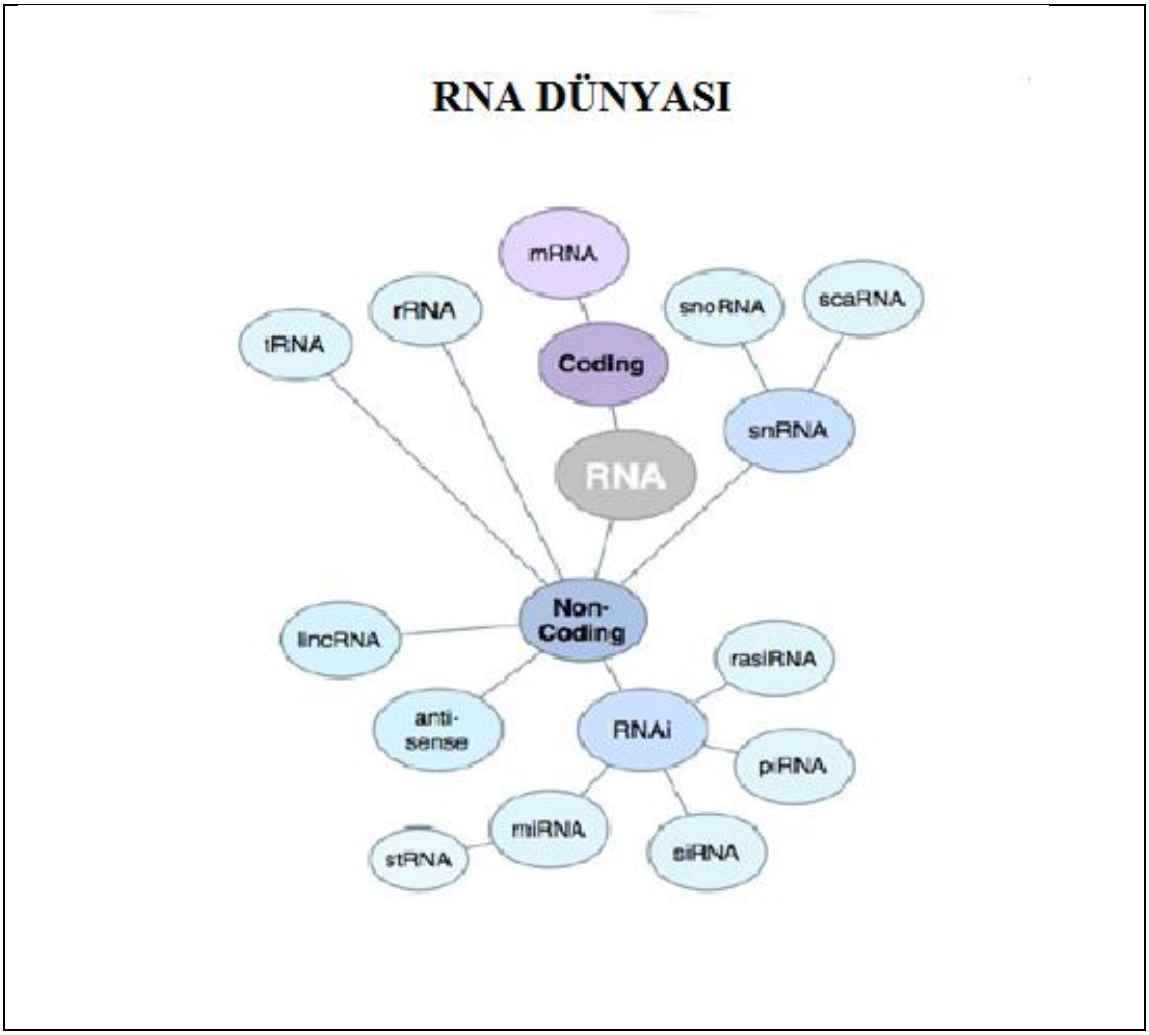
Şekil 1. 1 Zeytin üretiminin Dünyada yayılışı (Anonim, 2013)

Akdeniz mutfağının vazgeçilmez bir parçası olarak görülen zeytin milyonlarca insanın beslenmesinde de önemli bir paya sahiptir. Çünkü zeytin bitkisi sofralık olarak ve ürettiği yağ ile büyük önem taşır. Zeytinyağı, içerisinde bulunan dengeli yağ asiti bileşimi ve kendine özgü aromasını veren uçucu bileşiklerin oluşturduğu karakteristik yapısı ile diğer yağlardan ayrılır (Sakouhi F. *et al* 2007). Epidemiyolojik ve klinik çalışmalar, zeytin meyvesinin ve zeytin yağının tüketiminin sağlığa olan faydalarını otaya çıkarmıştır (Nan J. *et al* 2014). Zeytin yağındaki fenolik bileşiklerin insan

vücudundaki sistemler üzerinde olumlu etkileri vardır (Gill *et al* 2005, Tropili *et al* 2005, El ve Karakaya 2009). Zeytinde bulunan tokofenoller, polifenolller, fosfolipidler, karotenoiler, klorofiller, sterioller ve skualen grupları etki mekanizmaları güçlü antioksidanlardır ve antienflamatuarlardır (Visioli *et al* 2002, Nan J. *et al* 2014). Zeytinyağı yüksek tansiyon, kolesterol, damar sertliği, mide-bağırsak ülserleri, romatizma, safra kesesi tembelliği, safra taşı, safra kanalı tıkanıklığı, karaciğer bozuklukları, kabızlık, kansızlık, gut hastalığı ve deri çatlamalarında tedavi amaçlı kullanılmasının yanı sıra (ITO, 2012) antikanser çalışmalarında da tıp alanında kullanılmaktadır (Nan J. *et al* 2014).

Zeytin üzerinde, önemine binaen yapılan çalışmaların büyük bir çoğunluğu, moleküler markörler kullanılarak yapılan filogenetik ve filocoğrafik analizlere dayanmaktadır. Kültüre alınmış zeytin türleri arasındaki genetik farklılıkları belirlemek ve popülasyon yapılarını aydınlatmak için SSR, ISSR, SCAR, SNP, AFLP çalışmaları yapılmıştır (Pafundo *et al.* 2005, 2007, Baldoni *et al*. 2006, Reale *et al* 2006, Martins-Lopes *et al*. 2008, Sesli ve Yegenoglu 2010, Ercisli vd. 2011). Mikrosatellit markörleri kullanarak farklı zeytinyağı kompozisyonuna sahip zeytinler arasındaki genetik farklılıklar araştırılmıştır (Alba *et al*. 2009, Ayed *et al*. 2009) ve zeytin çeşitlerinin izlenebilirliği sağlanmıştır (Montealegre *et al*. 2010). Ayrıca moleküler markörler kullanılarak yapılan bağlantılı harita çalışmasında zeytinde direnç mekanizmasında rol alan bir gen lokusu ile bağlantılı markörler belirlenmiştir (Wuver *et al*. 2004). Zeytine ait taksonlar ve populasyonlar arasındaki ribozomal DNA dizi farklılığının ortaya konulması için 18S, 5.8S gen lokusları ve ITS1 intron bölgesi dizilenmiştir (Besnard *et al*. 2007). Mariotti *et al*. (2010) tarafından yapılan *O. europaea* kloroplast genomunun dizileme çalışması, zeytin genomu üzerine yapılan en kapsamlı araştırmadır. Besnard *et al* .(2011) tarfından yedi zeytin çeşidinin daha kloroplast genomu dizilenmiştir. Bu çalışmalar ile zeytin genomu hakkında önemli bilgiler elde edilmiş acak araştırmalar sadece kloroplast genomunu kapsadığı için sonuçlar tüm zeytin genomunun aydınlatılması için yetersiz kalmıştır.

Zeytinde transkriptom düzeyinde ise yapılan çok az çalışma bulunmaktadır. Transkriptom ise belli bir zamanda bir hücre veya dokudaki gen transkriptlerinin (RNA) tümünü ifade etmek amacıyla kullanılmaktadır (Şekil 1.2).



Şekil 1. 2 Bir dokuda bulunan gen transkriptlerinin tümü (http://finchtalk.geospiza.com/2009/05/small-rnas-get-smaller.html)

Bu çalışma ile hücre genomundan transkripsiyonla oluşan mRNA transkriptlerinin eş zamanlı incelenmesi sağlanmaktadır. Bir örnekte bulunan RNA miktarına bağlı olarak, genlerin seçilmiş bir alt grubunun veya tamamının ekspresyon düzeyini ölçmeyi hedeflemektedir (Ak G. ve Ag. K 2008). Transkriptlerin fizyolojik bir durum ve özel gelişimsel bir safhadaki miktarlarını da ifade etmek için yine transkriptom ifadesi kullanılabilmektedir. Transkriptom çalışmalarının temel amaçlarını şu şekilde

sıralayabliriz; mRNA, non-coding RNA ları ve small RNA ları içine alan tüm transkriptom türlerinin katalog haline getirilmesi ve 5've 3' uçlarının belirlenmesi, sıplayzing patternlernin ortaya konulması gibi gene ait transkripsiyonel yapının ortaya çıkarılması, bunun yanında da bazı özel koşullar altında bulunan ve gelişimsel süreçteki her bir dokunun transkript seviyesindeki değişiminin ortaya konulması olarak sıralanabilir. Transkriptom dizilemesi, RNA-Seq tekniğinin en son teknolojileri kullanılarak yapılmaktadır. RNA-Seq bir örnekteki tüm RNA populasyonunu belirleyen ve kantitatif olarak çözen oldukça güçlü ve etkin yeni bir metottur. RNA–Seq direkt RNA dizilemekten ziyade, yüksek hacimli yeni nesil dizileme cihazlarını kullanarak örneğe ait RNA hakkında geniş bir bilgi elde etmemizi sağlar. Transkriptomik ya da geniş genom ekspresyon profillemesi, genom tarafından üretilen tüm RNA setlerini kategorilendirilmesini amaçlamaktadır. Bunun yanısıra daha önce bilinmeyen ve nadir görülen transkriptleri de ortaya koymaktadır. Transkriptom profillenmesinin temel uygulamaları; yeni splayzing durumlarını ortaya koymak, gen füzyonları, SNP'ler ve diğer spesifik mutasyonları belirlemek, yeni yada nadir transkripleri ortaya çıkarmak, farklı biyolojik örneklere ait geniş ekspresyon profillinin ortaya konulmasını ve bunların birbirleri ile karşılaştırılmasını sağlamak olarak sıralanır (Wang Z. *et al.* 2009). Son yıllarda moleküler biyolojide kullanılan tekniklerin gelişmesi bitki biliminde tüm bu moleküler çalışmaların yapılmasına imkân sağlamıştır (Kim *et al*. 2010). Özellikle yeni nesil dizileme teknolojileri ile genom büyüklüğünden bağımsız olarak bütün organizmalarda güvenilir sonuçlar ele edilmektedir ve daha az dizileme ile baz başına düşen dizileme maliyeti düşmektedir. Hızlı ve kolay uygulanabilmesi sebebiyle de genom düzeyinde yürütülen çalışmalarda tercih edilmektedirler (Hawkins *et al*. 2010). Yeni nesil dizileme; genom, transkriptom, DNA-protein etkileşimlerinin geniş kapsamlı analizini sağlar. Bu teknoloji ile mRNA, küçük RNA profili, transkripsiyon faktörlerinin bağlanma bölgelerinin genom boyu karakterizasyonu, kromatin yapısı ve metilasyon paterni, atasal DNA mikrobiyolojisi ve metagenomik çalışmaları hızlı bir şekilde yapılabilmektedir (Türktaş M. vd. 2014). Günümüzde kullanılan yeni nesil dizileme sistemleri, Roche 454 genome analyzer, Illumina Genome Analyzer, Applied BioSystem SOLiD, Complete Genomics, Helios, Pacific Biosciences ve IonTorrent sistemleridir (Türktaş M. *et al*. 2014). Günümüzde kullanılan üç ana sistem öne çıkmaktadır. Bunlardan ilk ikisi pirodizileme teknolojisini kullanan Roche GS FLX ve

ABI SOLID cihazları, üçüncüsü de Solexa dizileme teknolojisini kullanan Illumina Genome Analyzer cihazıdır. Her bir sistemi öne çıkaran bir takım özelikler mevcuttur. Bu özellikler genel olarak; okuma uzunluğu (read length), oluşturduğu veri büyüklüğü (giga baz), çalışma süresi ve maliyeti olarak sıralanabilir (Metzker 2010). Çizelge 1,1'de bu sistemlerin özellikleri karşılaştırılmıştır.

Çizelge 1.1 Yeni nesil dizileme sistemlerinin karşılaştırılması (Türktaş *et al.* 2014' den değiştirilmiştir)

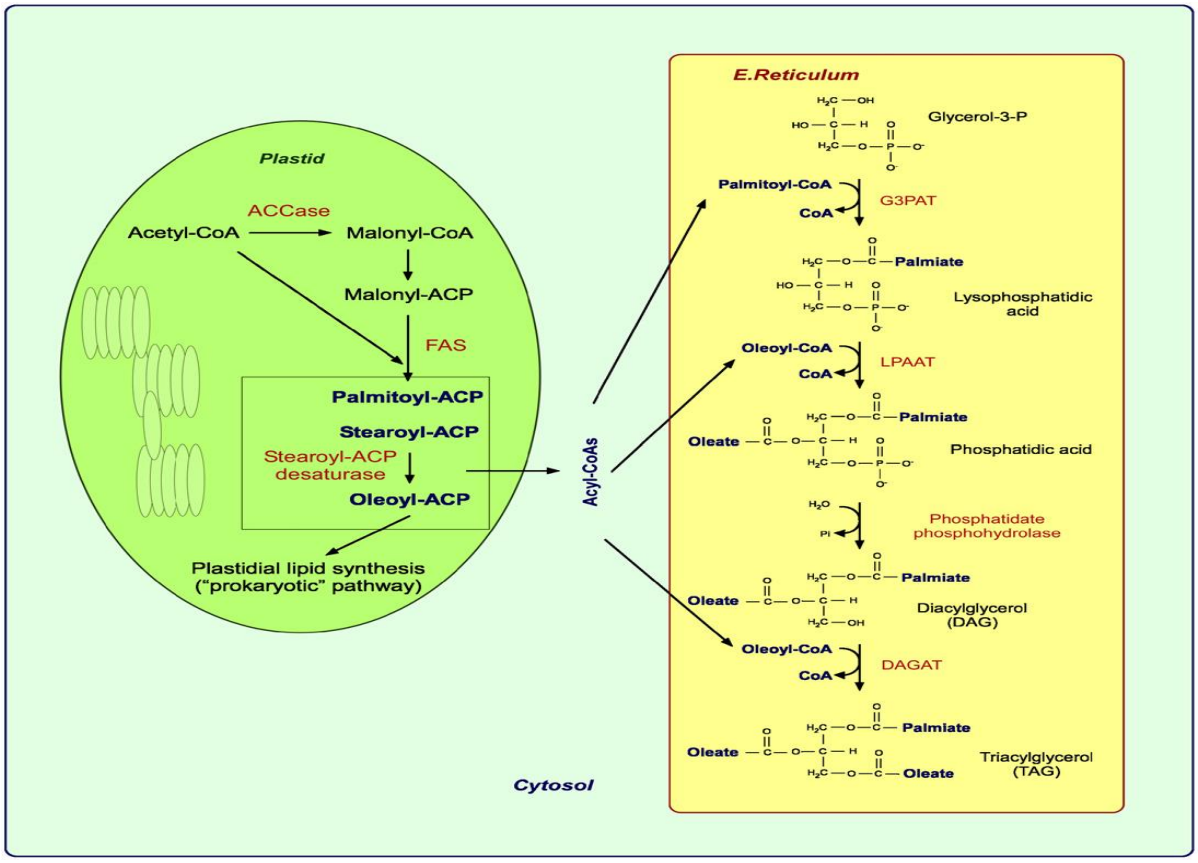
ÖZELLİKLER	**ROCHE GS FLX**	**ABI SOLİD**	**ILLUMİNA GENOME ANALYZER**
Dizileme kimyası	Pirodizilime	Köprü çoğalma	Sentez yolu ile dizileme
Okuma uzunluğu (bç)	1000	75	2x101
Okuma sayısı (milyon)	1	5	3 (SE) ve 6 (PE)
Total yüksek hacim	700mb	120Gb	540-600Gb
Hata oranı (%)	0,1	0,01	0,1
Reaksiyonu bitirme zamanı	23 saat	14 gün	8,5 gün
Mb başına fiyat ($)	8	0,05	0,02

Genome Sequencer FLX (+) Sistemi, uzun okuma özelliğine sahip GS FLX Titanyum kimyasıyla, 454 Dizileme platformlarının en gelişmişidir. Tek seferde 1 milyondan fazla yüksek kalitede okuma ve 1000 baz uzunluğuna varan diziler sunma kapasitesine sahip sistem, özellikle tüm genom de novo dizilemeleri, transkriptom dizilemeleri, karmaşık örneklerde metagenom karakterizasyonu ve yeniden dizileme (re-sequencing) alanlarında öncü konumdadır (http://454.com/products/, 2015). Genom çalışmaları, yeniden dizileme ve *de novo* dizileme olmak üzere iki farklı şekilde yapılmaktadır. Organizmanın genomuna ilişkin bilgi olmaksızın gerçekleştirilen dizileme çalışmaları *de novo* olarak tanımlanmaktadır ve son zamanlarda, model organizmalar haricindeki çoğu dizileme çalışmaları bu yöndedir (Rounsley *et al.* 2009).

Zeytinde yapılan transkriptomik çalışmalardan bahsetmek gerekirse; farklı büyüme fazında olan üç zeytin örneği ile SSH (Suppression Subtractive Hybridization) analizi yapılarak meyve gelişiminde rol alan genler tespit edilmeye çalışılmıştır (Galla *et al*. 2009). "Gemlik" zeytin çeşidine ait 3.734 adet EST dizisi elde edilmiş ve çeşitli fonksiyonlara sahip çok sayıda transkript tanımlanmıştır (Özgentürk Ozdemir Ö. vd 2010). Zeytin mikro RNA'ları dizilenerek 18 bilinen, 5 yeni miRNA ailesi tespit edilmiş ve bunların bitkinin gelişim metabolizması ile ilişkileri değerlendirilmiştir (Donaire *et al*. 2011). Farklı gelişim dönmelerinde farklı dokulardan alınan zeytin örneklerinin mikroRNA'ları dizilenmiş, bilinenlerin yanı sıra yeni miRNA aileleri bulunmuş ve meyve olgunlaşması, hormon regülasyonu gibi periyodisite ile ilişkili yolaklarda görevli genler üzerine etki gösteren miRNA'lar tespit edilmiştir (Yanık vd. 2012). Ayvalık çeşidi zeytinde periyodisite ile ilişkili oluşturulan cDNA kütüphanelerinde 48 EST saptanmış ve bunlardan 37 tanesinin sadece zeytine özgü olduğu bulunmuştur (Dündar vd. 2012). Geranylgeranyl reductase (*CHL P*) geninin anlatım düzeyi ve bazı fenolik bileşiklerin miktarı incelenerek meyve gelişimi üzerine olan etkileri incelenmiştir (Muzzalupo *et al*. 2011). İki farklı fenolik bileşiği ihtiva eden zeytin çeşidinde, meyve gelişiminde ifade olan transkriptomların karşılaştırılması için oluşturulan cDNA kütüphanelerinde 261.485 okuma yapılmıştır (Alagna *et al*. 2009). Merida A.M. *et al*. (2013) ve arkadaşlarının yaptığı ilk geniş kapsamlı transkriptom çalışmasında Picual, Arbequina ve Lechin de Sevilla zeytin çeşitlerinde üç farklı gelişim dönemine ait meyve, mezokarp ve çekirdek dokularından oluşturulan 12 cDNA kütüphanesi Sanger ve 454 Pirodizileme teknolojileri kullanılarak dizilenmiştir. Sonuçta 12 milyon okuma elde edilmiştir. Okumaların birleştirilmesi sonucu ortalama uzunluğu 496 baz olan 81.020 unigen elde edilmiş ve bunların fonksiyonel anotasyonları yapılmıştır. Ayrıca NimbleGen Array teknolojisi ile 136.628 oligonükleotitlik prob kullanılmış, var-yok yıllara ait yaprak ve meyve dokularından oluşturulan cDNA'lar ile genom bazında tarama yapılmış, belirlenen genlerin ifade profilleri çıkarılmıştır (Türktaş M. vd 2013).

Zeytin meyvesinin yaklaşık %20'si yağ olduğu için üretilen zeytinin büyük bir çoğunluğu zeytinyağı elde etmek amacıyla kullanılmaktadır. Ancak zeytinin meyvesinde gerçekleşen yağ asidi biyosentezi hakkında yeterli bilgi bulunmamaktadır. Zeytin meyvesinin çok yüksek miktarlarda triaçilgliserol içerdiği bilinmektedir ve

meyve kabuğunun orta tabakası olan mezokarpta yüksek oranda doymamış yağ içeren membranlar bulunmaktadır. Aynı zamanda, meyve olgunlaşırken, yeşil olan başlangıç dokusu önce yeşil-mor renge, ardından da yağ birikimi sırasında koyu mor renge dönüşmektedir ve bu arada da zeytinyağının kalitesini etkileyen birçok fizyolojik değişim meydana gelmektedir (Hernandez vd. 2008). Bunlarla birlikte çalışılması zor bir doku olan zeytin meyvesinin doku tahribatına bağlı oluşabilecek ve zeytine aromasını veren fenolik bileşikler üzerinde etki gösteren, fizyolojik değişimlerden kaynaklı etkileri en aza indirmek için kallus kültürü kullanılarak yapılan çalışmalar mevcuttur (Ramli *et al*. 2002, Hernandez *et al*. 2008). Zeytinyağının biyosentezinde birçok enzim görev almaktadır. Zeytinyağı içeriğinde bulunan en önemli bileşik yağ asididir. Yağ asitleri ise çoğunlukla triaçilgliserol (zeytinyağı içeriğinin yaklaşık %98'i) formunda ya da daha az oranda serbest yağ asitleri şeklinde bulunmaktadır. Yağ asitlerine ilaveten zeytinyağında, gliserol, fosfatidler, renk ve tat veren fenolik ve flavonait bileşikler ve steroller bulunmaktadır (Fedeli 1977). Zeytinin yetiştiği ortamın iklimi, toprağın işlenme şekli, meyve olgunluk dönemi gibi faktörler zeytin çeşitleri arasındaki yağın asit bileşimlerini belirlemektedir (Conde *et al.* 2008). Zeytinyağını oluşturan yağ asitlerinin başlıcaları; yüksek oranda oleik asid (C18:1) olmak üzere, linoleik asid (C18:2), palmitik asid (C16:0), stearik asit (C18:0) ve az miktarda linolenik asittir (C18:3). Yağ asidi biyosentezi plastidlerde asetil koenzim A'nın karbolsilaz enzimi tarafından katalizlenenmesi sonucu oluşan asetil koenzim A'nın karboksilasyonu ile başlamaktadır (Conde *et al*. 2008). Aşağıda verilen Şekil 2,1'de zeytinde yağ biyosentez mekanizması verilmiştir. Yağ asitleri tekrarlayan reaksiyonlar sonucunda her döngüde iki karbon atomunun eklenmesi ile uzatılmakta ve 16 veya 18 karbonlu açil gruplarını oluşturmaktadır. Oluşan açil-açil taşıyan protein (*acil-ACP*) kompleksi, plastid içerisinde ya direk yağ üretiminde kullanılmakta ya da endoplasmik retikuluma gönderilerek Kennedy yolağı aracılığı ile triaçilgliserol sentezinde değerlendirilmektedirler. Zeytinyağının biyosentezi ve birikimi yolaklarında görevli bazı genler belirlenmiş olmakla birlikte henüz tüm genler tespit edilememiştir.



Şekil 1. 3 Zeytinde yağ biyosentezi mekanizması (*ACP*: açil taşıyıcı protein; *ACCase*: asetil-*CoA* karboksilaz; *FAS:* yağ asidi sentetaz; *G3PAT*: gliserol 3-fosfat asetiltransferaz; *LPAAT*: lisofosfatid asetiltransferaz; *DAGAT*: diaçilgliserol asetiltransferaz (Conde et al. 2008)

Hernández *et al* (2005)'de yapılan çalışmada zeytinde, plastidlerde üretilen oleik asidin linoleik aside dönüştürülmesinde rol oynayan oleat desaturaz enzimini kodlayan iki gen (*FAD2-1* ve *FAD2-2*) izole edilmiştir. Çalışma sonucunda *FAD2-1* geninin erken evredeki çekirdekte, *FAD2-2* geninin ise olgun evredeki çekirdekte ve mezokarpta depo yağlarının desaturasyonundan sorumlu oldukları bulunmuştur. Matteucci *et al.* (2011)'de yaptığı çalışmada ise zeytinde *FAD2*, *FAD3*, *FAD6*, *FAD7* ve *FAD8* genlerinin anlatım düzeylerinin soğuk uygulaması ile değiştiği gözlemlenmiştir. Zeytinyağının aroması belirli uçucu bileşikler tarafından oluşturulmaktadır (Morales *et al.* 1995). Uçucu bileşiklerin yaklaşık %80'ini 6-karbon aldehitleri, alkolleri ve onların asetil esterleri oluşturmaktadır. Bu uçucular, lipoksigenaz (*LOX*) yolağı sırasındaki bazı enzimatik reaksiyonlar sonucunda oluşmaktadırlar (Salas *et al*. 1999). *LOX* yolağının doku tahribatı ile indüklendiği ve bu aşamada oluşan uçucu bileşiklerin yağa aromasını

verdiği bilinmektedir. Bu nedenle zeytinin endüstriyel olarak işlenme aşaması zeytinyağının kalitesini etkileyen bir diğer önemli etmen olmaktadır. Bitkilerde *9-LOX* ve *13-LOX* olmak üzere iki *LOX* grubu bulunmaktadır ve bunlar çoklu gen aileleri tarafından sentezlenmektedirler (Andreou and Feussner 2009). Zeytinde ise *9-LOX* ve *13-LOX* enzimlerini kodlayan dört gen izole edilmiştir ve bunların uçucu bileşiklerin biyosentezinde görev aldıkları bulunmuştur (Padilla *et al*. 2009, 2012; Palmieri-Thiers *et al.* 2009). Aynı zamanda lipoksigenazların çekirdekte depo proteini olarak görev aldıkları, bitki büyümesi ve savunma mekanizmasında da rol oynadıkları gösterilmiştir (Muzzalupo *et al*. 2012). Zeytinin olgun meyvesinden izole edilen beta-glukosidaz enziminin de fenolik bileşiklerin biyosentezinde görev aldığı da gösterilmiştir (Romero-Segura *et al*. 2009).

Türkiye'de de zeytin tarım ekonomisinde ayrıcalıklı bir konumdadır. İstihdam, katma değer artışı ve dış ticaret başta olmak üzere ulusal ekonomiye pek çok katkısı bulunmaktadır. Dünya genelinde ülkemiz, zeytin üretimi bakımından 1.191.447 ton yıılık üretim ile dördüncü sırada (http://faostat.fao.org/), zeytin üretimi alanı olarak da beşinci sırada yer almaktadır (Anonim, 2008). Ayrıca 70 ülkeye ihraç edilen zeytinin ağaç başına düşen verimi, AB ülkelerinde az-çok yıllarına gore 22-25 kg iken Türkiye'de 5-20 kg arasında değişebilmektedir (Anonim, 2011).

Zeytinin gerek Dünya gerekse Türkiye için yadsınamaz önemine rağmen zeytin bitkisi ile ilgili moleküler düzeyde bulunan literatür bilgisi son derece kısıtlı kalmaktadır. Bu yüzden Çankırı Karatekin Üniversitesinin öncülük ettiği, ülke bazında İspanya, İtalya, Yunanistan, Çin Halk Cumhuriyetinin destek verdiği, ülke içinde birçok üniversite ve kurum ile ortak yürütülen uluslararası zeytin genom konsörsiyumu kurulmuştur. Bu konsörsüyum ile birlikte yine Çankırı Karatekin Üniversiteside yapılan ''yeni nesil dizileme ile zeytin'in (*Olea europaea* L.) tüm genom ve transkriptom dizilemesi projesi'' kapsamında genomik, proteomik, metabolomik, transkriptomik yaklaşımlar ile zeytin genomu ve yapısı araştırılmaktadır.

2. KURAMSAL TEMELLER

Pedisel dokusu üzerinde bugüne kadar yapılan genetik çalışmalar doku gelişiminin anlaşılmasından ziyade çiçek, yaprak ve meyve absisyounun olası nedenlerini araştırmakla sınırlı kalmıştır ve Arabidopsis, domates, kiraz, üzüm gibi çok az sayıda bitki üzerinde çalışılmıştır. Fakat özellikle etli meyvelerde olgun meyve dökümüne giden süreçte gerçekleşen trasnkripsiyonel düzenlemelerle ilgili bilgiler son derece sınırlıdır (Gil-Amado J.A. and Gomez-Jimenez M.J. 2013). *Solanum lycopersicum*'da (Domatesde) çiçek dökümlerini engelleyen genler üzerinde yapılan çalışmada farklı çevresel streslere maruz kalan dokuların etkin korunmasını sağlayan dört farklı gen ailesi tespit edilmiştir (Meir S. *et al.* 2011). Ayrıca domates meyvesinin gelişiminde meyve ve meyve pediseli incelenerek meyve gelişimi sırasında anotomik olarak arka planda gerçekleşen olası faktörler araştırılmaya çalışılmıştır. Etli meyvelerin gelişimini anlamak için su taşınımındaki sinyal moleküllerinin aydınlatılması ve bu moleküllerin verim üzerndeki etkilerinin aydınlatılması amaçlanmıştır (Rancic D. *et al*. 2010). Yine domates üzerine yapılan bir çalışmada bitki hormonlarından etilen ve auxinin etkin rolleri belirlenmeye çalışılmış, ancak tam olarak aydınlatılamamıştır. Çalışma sonucunda etilen'in absisyonu hızlandırdığı , auksin'in ise engellediği bulunmuştur. Ayrıca polygalakturonaze geninin absisyon süreci boyunca etkin rol oynadığı gözlenmiştir **(**Fang Q.M. *et al*. 2014). Bitki organı absisyonunu etkinleştirmede de Indole-3-asetik asit (*IAA*)ve kalsiyumun önemli bir rolü olduğu bulunmuştur (T.Xu *et al.* 2012). Üzümün meyve pediseli ve meyvesindeki renk değişimi incelenmiş, yeşil olgunlaşmamış üzüm tanesinden olgunlaşmış kırmızı üzüm tanesine dönüşümünde, önce turgor basıncı ve doku çözünme potansiyelinin azaldığını, bu durumun ise olgunlaşan meyvede fruktoz, şeker ve glikoz miktarını arttırdığını bulmuşlardır. Bunun moleküler mekanizmasında Antosiyonin biyosentezi ile ilgili *VvMybA* ve *VvUFGT* genlerinin etkin rol aldığı bulunmuştur (Castellarin S.D. *et al.* 2011). Etilenin düzenlediği absisyon işlemi süresince domatesin pedisel dokularının transkriptom analizi yapılmıştır. Pedisel dokusunda geniş bir küme içerisinde farklı, çok miktarda gen expresyonlarının olduğu gözlenmiştir. Gen ontoloji analizi zengin bir transkripsiyonel düzenleme ve hidrolaz aktivitesi olduğunu ortaya çıkarmıştır. Hormon ve hücre zarı ile ilgili genler de araştırılmıştır. Bu absisyon bölgelerinde exprese olan *WUSCHEL (*

WUS), KNAT6, LATERAL ORGAN BOUNDARIES DOMAİN PROTEIN 1 (LBO1) , *BELL* like homedomain protein 1 *(BLH1*) ve domates meristem genleri *BLIND (BI)* ve *LATERAL SUPPRESSOR (Ls)* genlerine rastlanmıştır (Xiang W. *et al.* 2012). Ayrıca yine domateste absisyon bölgelerinin gelişimini düzenleyen transkripsiyon faktörleri üzerinde çalışılmış ve *MAD-box* transkripsiyon faktörlerini kodlayan *MACROCALYX (MC)* genini bulmuşlardır (Tothitsugu N. *et al.* 2012). *Arabidopsis* thaliana'da (Arabidopsiste) yapılan çalışmada Ekspansin proteinlerinin hücre büyümesinde, organ morfogenezinde ve absisyonda etkili olduğu bulunmuştur (Hyung-Taeg C. and Daniel J. C. 2000). Ayrıca Arabidopsis'de class-I *KNOTTED1*- like homeoboks (*KNOX*) gen ailesini pedisel gelişimini düzenlediği bulunmuştur. Class-I KNOX genelerinin 4 üyesi vardır. Bunlar: *SHOOT MERISTEMLESS (STM), BREVIPEDICELLUS (BP, KNAT1* olarak da adlandırılır), *KNAT2* ve *KNAT6*'dır. Yine son çalışmalar Arabidopsisde *ARABIDOPSIS THALIANA HOMEOBOX GENE1 (ATH1)* genlerinin *KNAT2* pathwayinde pedisel gelişimini düzenleyici bir rol aldığını belirlemiştir. *ATH1–KNAT2* protein kompleksinin normal pedisel morfolojisinin gelişimi için gerekli olduğu gösterilmiştr. Ayrıca *ATH1– KNAT2* kompleksinin *KNAT6* genini de etkileyerek birlikte çalıştığı, ancak BP genlerinin bu genlerin kontrolünü negatif olarak etkilediği bulunmuştur (Yang L. *et al* 2011). Etilen eksojen uygulamasına karşılık olarak kiraz absisyonunun genetik bileşenleri analiz edilmeye çalışılmıştır (Benjamin K. 2014). Auksin azalması ve etilen artmasının tetiklediği absisyon, transkripsiyon, sinyal iletim regülatörlerini ve hücre ayrımını sağlayan enzimleri kodlayan genlerin ifade seviyelerinde gözle görülür değişiklikler oluşturur. Bu değişikliklerin moleküler temellerini aydınlatabilmek için domatesde (*S. lycopersicum*) yapılan bir çalışmada *ETHYLENE-RESPONSIVE FACTOR 52 (SlERF52)* transkripsiyon faktörlerinin genellikle absisyon bölgelerinde ifade edildiği bulunmuştur ve bu *SlERF52* genlerinin absisyon öncesi ve sonrası aşamalarında absisyon bölgelerinde transkripsiyonel düzenlemelerde önemli bir rol aldığı belirlenmiştir (Nakano T. *et al.* 2014)

Zeytin bitkisinin ekonomik, ekolojik ve kültürel önemine rağmen, meyve olgunlaşmasının ve yağ oluşumunun arkasındaki genetik yapının açığa çıkmasını sağlayan moleküler çalışmalar çok azdır. Bunun yanısıra pedisel dokusunda yapılan genetik çalışmalar Arabidopsis, domates, kiraz, üzüm gibi çok az sayıda bitki ile sınırlı

kalmıştır. Yapılan bu çalışmalar da doku gelişiminin anlaşılmasından ziyade çiçek, yaprak ve meyve absisyounun olası nedenlerini araştırmakla sınırlıdır. Fakat özellikle etli meyvelerde olgun meyve dökümüne giden süreçte gerçekleşen trasnkripsiyonel düzenlemelerle ilgili bilgiler son derece yetersizdir. Bu tezin amacı ise zeytinde ham ve olgun pedisel dokusunda karşılaştırmalı transkriptom analizi yapılarak, pedisel dokusunun gelişiminde etkili, bitkide oluşan metabolitlerin hücre içine taşınımında görevli, absisyon olayının oluşmasını sağlayan moleküler mekanizmaların aydınlatılmasıdır

3. MATERYAL METHOD

3.1 Materyal

Zeytinin %25 yağ oluşturma kapasitesine sahip Ayvalık çeşidi'ne (*Olea europaea* L. *Cv*. Ayvalık) ait ham (olgunlaşmamış) pedisel dokuları ile olgun pedisel dokuları kullanılmıştır. Kullanılan bitkilerin olgunlaşmamış dokuları 2013 Temmuz ayında, olgunlaşmış dokuları ise 2013 Kasım ayında İzmir Zeytincilikten toplanarak temin edilmiştir. Bir bitkinin Temmuz ve Kasım ayında toplanan pedisel örnekleri ile toplamda iki farklı dokusu kullanılmıştır. Biyolojik replikasyon için üç farklı bitkiden dokular dönemsel olarak toplanmıştır. Temmuz ayı meyvelerin görünmeye başladığı, Kasım ayı ise sofralık zeytinler için meyvelerin olgunlaşıp toplandığı aydır. Toplanılan örnekler degredasyon olmaması için koparılır koparılmaz sıvı azota daldırılmış ve karışmaması için klipsolu poşetlere konulmuştur. İzolasyon yapılana kadar - 80 ºC de bekletilmiştir.

3.2 RNA İzolasyonları

RNA izolasyonunda Trizol (Ambion) methodu kullanılmıştır ve Gehri H.H. *et al.* (2012) protokolüne göre şu şekilde yapılmıştır: Öncelikle her bir örnek için 1ml % 75 lik ethanol çözeltisi, 500ml isopropilalkol çözeltisi, 0.2ml kloroform çözeltisi kullanılabilecek şekilde çözeltiler hazırlanarak -20 ºC ye bırakılmıştır. 2ml lik ependorf tüplere 1ml trizol reaktifi eklenmiştir. Örneklerimize ait dokulardan yaklaşık 100 mg alınarak havanda sıvı azot kullanılarak toz haline getirilmiştir ve toz numuneler hızlıca trizol reaktifi bulunan tüplere eklenip vortekslenerek iyice karışması sağlanmıştır. Bu tüpler oda sıcaklığında 10 dakika bekletilmiştir. Daha sonra tüplerin üzerine 0,2 ml kloroform çözeltisi eklenmiştir. Tüpler iyice karıştırılarak 5 dk oda sıcaklığında bekletilmiştir. Arkasından 15 dk 4 ºC de 15.000 rpm de santrifüj edilmiştir. Üstteki sıvı faz yeni 2 ml lik ependorf tüplere alınmıştır. Üzerine 500 ml isopropilalkol eklenmiş, yumuşakça karıştırılarak 10 dk oda sıcaklığında bekletilmiştir. Daha sonra 15.000 rpm de 10 dakika 4 ºC de santrifüj edilmiştir. Üstteki süpernatant atılmıştır. Dipte çökmüş olan RNA ya 1ml % 75 lik ethanol eklenerek bir kez yıkanmıştır. Tüpler 5 dakika 8000

rpm de 4 ºC santrifüj edilmiştir. Arkasından ethanol dökülmüş ve tüpler ethanolün uçması ve kuruması için 10 dakika ağzı açık bir şekilde bekletilmiştir. Tüpler kuruduktan sonra oluşan RNA peletinin durumuna göre yaklaşık 40-50 ml steril su eklenerek RNA lar çözülmüştür. Çözüm işlemi için ısı inkübasyonundan yararlanılmıştır. Böylece 57 ºC de tüpler 2-3 dk bekletilerek RNA nın daha iyi çözünmesi sağlanmıştır.

3.3 İzole Edilen RNA'ların Yıkanması

Ayvalık bitkisinin Temmuz ve Kasım aylarında toplanan pedisel dokularından izole edilen RNA'ların yıkanması için QIAGEN firmasına ait RNeasy Mini Kit kullanılmıştır. Burada amaç RNA'larla birlikte bulunan DNA'yı uzaklaştırmaktır. Kit protokolüne göre en fazla yıkama yapılabilecek RNA miktarı 100 000 ng ve yıkama işlemi şu şekilde yapılmıştır: 2ml lik ependorf tüp içerisine 10 µl buffer RDD, 2.5 µl DNAse, yıkanması istenen RNA örnek miktarı ve üzerine toplam hacim 100 µl olacak şekilde steril su eklenmiştir. 10 dk oda sıcaklığında inkübasyonu yapılmış, bu tüp içerisine 350 µl Buffer RLT eklenip iyice karıştırılmıştır. Üzerine 250 µl %100 ethanol eklenip pipetaj yaparak yine iyice karıştırılmıştır. Bu tüpte toplanan sıvının tamamı RNeasy Mini spin kolon içine yerleştirilmiştir. 15 saniye 8000 g de santrifüj edilmiştir. Spin column altında toplanan sıvı atılmıştır. RNeasy Mini spin column üzerine 500 µl Buffer RPE eklenmiştir. 15 saniye 8000g de santrifüj edilip altta toplanan sıvı atılmıştır. Tekrar RNeasy Mini spin kolon üzerine 500 µl Buffer RPE eklenip 2dk 8000g de santrifüj edilmiştir. Altta toplanan sıvı atılmıştır. En son kalan sıvıların uzaklaştırılması için tekrar 1dk 8000g de santrifüj edilmiş, RNeasy Mini spin column yeni 1.5 ml lik tüp içine yerleştirilmiştir. Üzerine 30-50 µl arası RNase-free water eklenip, 10 dk oda sıcaklığında inkübe edilmiştir. Daha sonra 1dk 8000g de santrifüj edilerek yıkanan RNA lar 1.5 ml lik tüpte toplanmış ve 1. elüsyon bitmiştir. Kolonda kalan RNA ları toplamak için tekrar RNeasy Mini spin column yeni 1,5 ml lik tüp içine yerleştirilmiş, 30-50 µl arası RNase-free water eklenerek 10 dk oda sıcaklığında inkübe edilmiştir. 1dk 8000g de santrifüj edilerek yıkanan RNA lar 1.5 ml lik tüpte toplanmış ve 2. elüsyon tamamlanmıştır.

3.4 İzole Edilen ve Yıkama İşlemi Yapılan RNA'ların Ölçümü

İzole edilen RNA lara temizleme (clean up) işlemi uygulanmadan saflık ve kantitatif analiz ölçümü için Thermo Scientific NanoDrop (ND-2100c, Thermo) ve jel elektroforezi kullanılmıştır. NanoDrop (ND-2100c, Thermo) spektrometresinin ölçümünde, A260/A230 oranının 2,0-2,2 ve A260/A280 oranının 1,8-2,1 arasında olması izole edilen RNA nın saflığını göstermektedir. Elektroforez için % 2'lik agaroz jel hazırlanmış 1:1 oranında 3 er µl örnek, loading dye ve RNA ları kıyaslamada kullanılacak markör olarak 50 bç aralığında gen cetveli jele yüklenerek 100 volt enerjiyle 1 saat yürütülmüş ve RNA'larımızın bütünlüğünün kontrolü yapılmıştır.

3.5 Dizileme İçin cDNA Kütüphanesinin Oluşturulması

Transkriptom kütüphanesi Roche 454 GS FLX+ serisine ait cDNA Rapid Library Preparation Method Manual protokolüne göre hazırlanmıştır. Protokol aşamaları şunlardır; RNA' ların parçalanması, çift zincirli cDNA sentezi, parça uçlarının tamiri, AMPure boncuk hazırlama, adaptör ligasyonu, küçük parçaların uzaklaştırılması, cDNA kütüphanesinin kalite değerlendirilmesi, cDNA ların sulandırılarak bölünmesidir. Kullanılacak RNA örnekleri protokol gereği 200 ng'dan fazla 19 µl az ve saflığı ($OD_{260/280} \geq 1,8$) olacak şekilde alınmıştır.

3.6 RNA'ların Parçalanması

Manyetik boncuk seperatörü (MPC) kullanılmış ve kit protokolüne göre parçalama yapılmıştır. Tüm örneklerden 400 ng RNA alınıp 200 µl'lik tüpler içerisine eklenmiştir. Tüplerin son hacmi, steril saf su ile 19 µl'ye tamamlanmıştır. Bu solüsyondan 1 µl, daha sonra RNA'nın parçalanıp parçalanmadığını kontrol etmek için ayrılmıştır. Geriye kalan 18 µl solüsyona 2 µl RNA parçalama solüsyonu (0,1363 g $ZnCl_2$, 1 M Tris-HCl, pH 7.0) eklendikten sonra karıştırılmıştır. Daha sonra tüpler 2 sn süre ile mini santrifüj yapılmıştır. Örnekler inkübasyon için PZR cihazında 70°C'de 30 sn bırakılmıştır ve süre biter bitmez sonunda tüpler hızlı bir şekilde buza alınmıştır. Tüpler içerisindeki

örneklerin üzerine 2 µl 0,5 M EDTA, pH 8.0 ve 28 µl 10 mM Tris-HCl, pH 7.5 solüsyonlarından eklenerek karıştırılmış, daha sonra 2 sn mini santrifüjfüj yapılmıştır. Bu adımdan sonra RNA parçalarını temizlemek için, örneklerin üzerine SPRI (Solid-Phase Reversible Immobilization) boncuklarını içeren 80 µl RNAClean reaktifi eklenmiş ve pipet yardımı ile iyice karıştırılıp oda sıcaklığında 10 dk inkübasyona bırakılmıştır. Daha sonra tüpler, manyetik boncuk seperatörüne (Magnetic Particle Concentrator) yerleştirilmiştir. Boncukların tamamen tüpün yan tarafına yapışması için beklenmiştir ve yapışmış olan boncuklara zarar vermeden pipet ile sıvı kısım uzaklaştırılmıştır. Bağlı bulunan boncukların temizlenmesi amacı ile her bir tüpe 200 µl %70'lik etanol ilave edilmiştir. Sonra manyetik boncuk seperatörü birkaç kez yavaşça alt-üst edildikten sonra pipet yardımı ile etanol uzaklaştırılmıştır. Bu işlem 3 kez tekrarlanmıştır. Daha sonra örneklere ait tüpler, manyetik boncuk seperatöründen çıkarılarak ısı bloğuna alınmıştır ve 37°C'de 1-2 dk etanolün iyice uçması ve kurutulması amacı ile bekletilmiştir. Daha sonra her bir örneğe, 19 µl 10 mM Tris-HCl, pH 7.5 solüsyonundan eklenmiştir. Bu karışım hafif bir şekilde karıştırıldıktan sonra 2 sn mini santrifüj yapılmıştır. Tüpler manyetik boncuk seperatörüne tekrar yerleştirilmiştir ve boncuklara zarar vermeden yaklaşık olarak 19 µl miktarındaki süpernatant başka temiz bir 200 µl'lik tüplere alınıp buz üzerinde bekletilmiştir. Parçalanma işlemi sonucunda elde ettiğimiz 19 µl RNA bulunan tüpten 1 µl alınan örnek ile, fragmentasyon işlemi öncesinde ayırmış olduğumuz 1 µl RNA üzerine 2 µl otoklavlanmış steril su eklenerek hazırladığımız örnek, RNA çipi (Agilent, Bioanalyzer High Sensitivity) yardımıyla belirlienmiştir. Böylece RNA örneklerimizin $ZnCl_2$ ile muamelesi sonucunda, istenilen uzunlukta parçalanıp parçalanmadığı (450 bç ile 1200 bç) teyit edilmişti.

3.7 Çift iplikli cDNA sentezi

RNA örnekleri denatüre edilerek çalışmaya başlanmıştır. Denatürasyon için her bir örneğe, 2,7 µl 600 µM konsantrasyonundaki random primer eklenmiş ve 10 sn boyunca karıştırıldıktan sonra 2 sn mini santrifüj yapılmıştır. Örnekler 70°C'de 10 dk boyunca denatüre edildikten hemen sonra buz üzerine alınıp cDNA'nın ilk ipliğinin sentezlenmesi aşamasına geçilmiştir. Bu aşamada, sırası ile her örneğe 8 µl 5X RT-

buffer, 4 µl 0,1 M DTT, 4 µl 10mM dNTP, 1 µl Protector RNaz inhibitörü ve 2 µl AMV RT eklenip total hacim 40 µl'ye tamamlanmıştır. Karışım 2 sn karıştırıldıktan sonra spin yapılmış ve 25°C'de 10 dk ve 42°C'de 60 dk inkübasyonları yapılıp örnekler hızlıca buza alınmıştır. Daha sonra ikinci iplik sentezi aşamasına geçilmiştir. Bir önceki aşamada elde edilen 40 µl hacmin üzerine sırası ile, her bir örnek için; 30 µl 5X ikinci iplik sentez buffer, 72 µl ddH_2O, 1,5 µl 10 mM dNTP ve 6,5 µl ikinci iplik sentez enzimi eklenerek total hacim 150 µl'ye tamamlanmıştır. Karışım karıştırıldıktan sonra 16°C'de 2 saat inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon sonrasında her bir örneğe 20 µl T4 DNA polimeraz eklenip 5 sn boyunca karıştırılmıştır ve 16°C'de 5 dk inkübasyona bırakılmıştır. Bu işlemin sonunda reaksiyonu durdurmak için, her bir tüpe 17 µl 0,2 M EDTA (pH 8.0) solüsyonu eklenmiş, 5 sn karıştırılıp 2 sn mini santrifüj yapılmıştır.

3.8 Çift iplikli cDNA'nın pürifikasyonu

Pürifikasyon işlemi için *Agencourt AMPure XP* (Beckman Coulture) boncuklar kullanılmıştır. Pürifikasyon işlemi öncesinde, 1,5 ml'lik ependorflara bölünüp iyice karıştırılmış olan AMPure boncuklar 2 ml'lik yeni ependorf tüplere aktarılmıştır. Üzerlerine 300 µl AMPure boncuklar ilave edildikten sonra iyice pipetaj yapılarak, 5 dk oda sıcaklığında bekletilmiştir ve tüpler el yardımıyla aşağıya doğru hızlı hareket yapılarak, boncukların ependorf tüplerin diplerine inmesi sağlanmıştır. Solüsyonla boncukların ayrılması için ependorf tüpler, manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilmiştir ve 2 dk bekledikten sonra berraklaşan süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Daha sonra, %70'lik etanolden 800 µl her bir tüpe koyulup manyetik boncuk seperatörü ile beraber ters-düz edildikten sonra berraklaşıncaya kadar beklenilmiştir ve berraklaşan kısım atılmıştır. Bu yıkama işlemi 3 kez tekrarlanmıştır. Daha sonra ependorfların diplerinde kalan etanol kontrol edilerek, etanolün tamamen uzaklaştırılması sağlanmıştır. Ve tüpler kuruması için oda sıcaklığında 3 dk bekletilmiştir. Tüpler manyetik boncuk seperatöründen çıkarıldıktan sonra, her bir tüpe 16 µl 10 mM Tris-HCI, pH 7.5 solüsyonu eklenmiş karıştırıldıktan sonra 2 sn santrifüj yapılmıştır. Tüpler tekrar manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilmiştir ve yaklaşık 16 µl ependorf tüplerin içeriği, yeni 200 µl'lik tüplere aktarılarak, pürifiye edilmiş amplikon kütüphanesi elde edilmiştir.

3.9 Parça uçlarının tamir edilmesi

Bu çalışmada Roche Rapid Library kiti kullanılmıştır. 2,5 µl 10X PNK tampon çözeltisi, 2,5 µl ATP, 1 µl dNTP, 1 µl T4 polimeraz, 1 µl PNK, 1 µl Taq polimeraz karışımı hazırlanmıştır ve her bir cDNA örneğinin üzerine 9 µl eklenmiş, 5 sn karıştırılarak mini santrifüj yapılmıştır. Daha sonra tüpler, 25°C'de 20 dk, 72°C'de 20 dk ve en son 4°C'de kalacak şekilde programlanmış PZR cihazında inkübe edilmiştir. Bu program esnasında, küçük fragmentlerin uzaklaştırılması aşamasında kullanacağımız AMPure boncuklarının hazırlanması aşamasına geçilmiştir. AMPure boncuklar 20 sn süre ile tamamen çözününceye kadar karıştırılmıştır. 1.5 ml'lik ependorf tüpler içerisine 125 µl AMPure boncuklar ilave edilmiştir ve tüpler manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilmiştir. Boncukların tamamen tüpün yan tarafına yapışması sağlanmıştır ve yapışmış olan boncuklara zarar vermeden pipet ile sıvı kısım uzaklaştırılmıştır. Her bir tüpe 73 µl TE tampon çözeltisi eklendikten sonra vortekslenmiştir. Daha sonra 500 µl Sizing solüsyonu ilave edilerek tekrar karıştırılmış ve mini santrifüj yapılmıştır.

3.10 Adaptör ligasyonu

Parça uçlarının tamir edilmesi programı tamamlandıktan sonra, her bir reaksiyon tüpüne 1 µl RL adaptörü eklenmiş 5 sn karıştırıldıktan sonra, mini santrifüj yapılıp 25°C'de 10 dk inkübasyona bırakılmıştır.

3.11 cDNA kütüphanesinden küçük parçaların uzaklaştırılması

cDNA parçalarına adaptör ligasyonu gerçekleştikten sonra, daha önceden hazırlanmış AMPure boncuklarının bulunduğu 1,5 ml'lik ependorf tüplere aktarılmıştır. Tüpler karıştırılıp mini santrifüj yapıldıktan sonra, oda sıcaklığında 5 dk inkübasyona bırakılmıştır. Daha sonra ependorf tüpler manyetik boncuk separatörüne yerleştirilmiştir. Pellet tüpün duvarına tamamen yapıştıktan sonra sıvı kısım dikkatli bir şekilde atılmıştır. Pellet üzerine öncelikle 100 µl TE tampon çözeltisi eklenip karıştırılmış, daha sonra da 500 µl sizing solüsyonu ilave edilerek karıştırılmış, sıvı kısım uzaklaştırılmıştır. Bu işlem 2 kez tekrarlanmıştır. Ependorf tüpler manyetik

boncuk separatöründe tutulmaya devam edilmiştir ve boncukların yıkanması için 1 ml %70 etanol ilave edilmiştir. Belirli bir süre bekledikten sonra etanol tamamen uzaklaştırılmıştır. Tüpler oda ısısında 2 dk süre ile kurumaya bırakılmıştır ve pelletin üzerine 53 µl TE tampon çözeltisi eklenip karıştırılarak mini santrifüj yapılmıştır. Daha sonra manyetik boncuk seperatörü yardımıyla boncukların tüplerin duvarına tamamen yapışması sağlanmış ve yaklaşık 50 µl hacmindeki sıvı kısım yeni tüplere aktarılmıştır. Aynı zamanda cDNA kütüphanesinin kalite değerlendirmesi DNA çipi (Agilent, Bioanalyzer High Sensitivity) ile gözlemlenmiştir. Ortalama parça uzunluğu ve örnek konsantrasyonu belirlendikten sonra aşağıdaki formülizasyon ile molekül sayısı (ng/µl) hesaplanmıştır.

$$\text{Molekül sayısı / µl} = \frac{\text{Örnek konsantrasyonu x } 6{,}022\text{x}10^{23}}{3283\text{x}10^{9} \text{ x Ortalama parça uzunluğu (bp)}}$$

Agilent Bioanalyzer High Sensitivity DNA chip kullanılarak, hazırlanan kütüphanelerin kalite değerlendirmesi yapılmıştır.

3.12 cDNA ların Sulandırılarak Bölünmesi

Her bir örnek için oluşturulan cDNA kütüphanesinden 40 µl TE Buffer içinde 1X108 cDNA olacak şekilde bir çalışma stoku hazırlanmıştır.

3.13 Emülsiyon PZR İle Klonal Çoğalma Reaksiyonu

Dizileme için emPCR amplifikasyonunda klonal bir çoğaltım işlemi yapılmıştır. DNA parçaları boncuklar (beads) üzerine immobolize edilerek oluşturulmuştur. Yedi temel basamaktan ve bu basamaklara bağlı alt basamaklardan oluşmaktadır. Bu temel basamaklar şunlardır: Reaktiflerin ve emülsiyon yağının hazırlanması, DNA kütüphanesinin yakalanması, emülsüfikasyon, amplifikasyon, boncukları (beads) toplama, DNA kütüphanesinde boncukların (beads) zenginleştirilmesi, sekans primerinin bağlanması (bu basamak titrasyon aşamasında uygulanmamıştır).

3.14 Küçük Hacim için Emülsiyon (Small Volume Emulsion) (1xSVE) Stratejisi

Küçük hacim emülsiyonda (Small volume emülsiyonda) 16 örnekle çalışılır ve işlemlerin sonunda bu örneklerin yüklenerek dizileme işleminin gerçekleştirilebileceği 16 küçük bölgeden oluşan Pico Titer Plate cihazı kullanılır.

3.15 EmPZR Klonal Çoğalımının Kullanımında Uygun Kütüphane Miktarının Belirlenmesi

Klonal olarak çoğalım gösteren kütüphanede yakalama boncuklarını (capture bead) eklemek için en uygun DNA miktarını belirlemede iki titrasyon yaklaşımı geliştirilmiştir. En uygunu ise, sekans kalitesini gösteren boncuk zenginleştirilmeleriyle oluşturulan emülsiyon titrasyonudur. Emülsiyon titrasyonu sonucu belirlenecek olan örnek miktarları sekans titrasyonunda kullanılmıştır.

3.16 Emülsiyon Titrasyonu

Emülsiyon titrasyonu boyunca kütüphanenin çeşitli miktarlarına sabit miktarda DNA yakalama boncukları (DNA capture beadler) eklenmiştir ve emPCR çoğalım prosüdürü uygulanmıştır. Bu prosüdürde DNA taşıyan boncukların zenginleştirilmesi ve bu zenginleştirilmiş boncukların sayımı yapılmıştır. Bu zenginleştirilen boncukların yüzdesi çoğaltılmış kütüphanenin kalitesini belirlemektedir. %5-20 aralığında zenginleştirilmiş boncuk sayısı kabul edilebilirken, iyi bir dizileme için yaklaşık % 10 zenginleştirilmiş boncuk uygundur. Burada yapılan çalışma sonucunda emPZR çoğalımı için en uygun DNA miktarı belirlenmiştir. Emülsiyon titrasyon tahlilinde GS FLX Titanium SV emPCR Kit (Lib-L) ve GS FLX Titanium emPCR Filters SV 64pcs Kit kullanılmıştır. Kullanılan kit protokolleri gereği DNA kütüphanesinden örnek başına 9,6 x 10^6 molekül/ µl alınacak şekilde solüsyon hazırlanmıştır. Bunun için parçalanan 10^8 değerlikli cDNA kütüphanesinden 200 µl'lik PCR tüpü içine 50 µl stok solüsyon, 5 µl kütüphaneden 45 µl TE tampon çözeltisinden alınarak hazırlanmıştır. Daha sonra bu

stoktan 48 µl örnek, 2 µl TE tampon çözeltisi kullanılarak seyreltme yapılmış ve istenilen oranlara sahip yeni bir stok oluşturulmuştur.

Bundan sonraki aşamada GS FLX+ serisindeki Small Volume Emülsiyon prosedürü kullanılarak emPCR çoğaltımı tamamlanmış ve zenginleştirilmiş boncukların (enriched beads) hesaplaması aşağıdaki formüle göre yapılarak sekans emülsiyonu için kullanılacak uygun DNA miktarları belirlenmiştir.

$$\% \text{ Zenginleştirilmiş Boncuk} = \frac{\text{Son zenginleştirilmiş boncukların sayısı}}{2 \times 4.\ 10^{6} \text{ toplam konulan boncuk sayısı}} \times 100$$

EmPCR amplifikasyonunda kullanılacak kütüphane; küçük DNA parçaları uzaklaştırılmış, her birinin sonunda emülsiyon parçasına uygun 454 adaptörleri takılmış, kalitesi uygun ve sulandırılmış, uzunlukları emPZR çoğaltımına uygun olacak şekilde önceden hazırlanmıştır.

Transkriptom çalışmasında uygulanan GS FLX+ protokolüne ait prosüdür aşağıda sırasıyla anlatılmıştır.

3.16.1 Reaktiflerin hazırlanması

Bu aşamada emPCR Reagents box kutusunda bulunan enzimler çözülmüştür.

3.16.2 Emülsiyon yağının hazırlanması

16 adet emülsiyon yağı içeren tüp TissueLyser cihazına uygun iki raf üzerine sekizer adet, sırasıyla konularak cihaza yerleştirilmiş ve 25 Hz da 2 dk çalkalanmıştır.

3.16.3 Mock amplifikasyon mix'inin hazırlanması ve emülsiyon öncesi hazırlıkların yapılması

1ml 5x Mock Amplifikasyon Mix, 4ml Moleküler Biology Grade Water ile sulandırılarak karıştırılmış ve bu solüsyondan 290 µl alınarak her bir emülsiyon yağı içeren 16 tüpe eklenmiş, tüpler tekrar TissueLyser tüp rafları üzerine yerleştirilmiş 25 Hz da 5 dk çalkalanmıştır.

3.16.4 Live amplifikasyon mix'inin hazırlanması

15 ml falkon içerisine aşağıdaki tabloda verilen reaktifler ve verilen miktarlar koyularak karışım hazırlanmıştır**.**

REAKTİFLER	16 V EMÜLSİYON İÇİN KULLANILACAK MİKTAR
Mol. Bio. Grade Water	960 µl
emPCR Additive	1440 µl
5x Amplification Mix	840 µl
Amplification Primer	300 µl
emPCR Enzyme Mix	200 µl
PPiase	8 µl
Total:	3748 µl

3.16.5 DNA kütüphanesini yakalama

DNA yakalama boncuklarını (DNA capture beads) yıkamak için 1 ml 10x Capcure Bead Wash Buffer TW içine 9 ml Moleküler Biology Grade Water eklenmiştir. Her bir örnek için 80 ml DNA yakalama boncuğu (capture bead) olacak şekilde 1,5 ml tüplere 1280 µl capture bead ve 1ml Capture Bead Wash Buffer TW eklenip karıştırılmıştır. Tüp spin-rotate-spin yapılarak her seferinde sıvı kısım atılması ile yıkama yapılmıştır.

Bu yıkama işlemi iki kere tekrarlanmıştır. Daha sonra pelet üzerine 640 µl Capcure Bead Wash Buffer TW (her bir emülsiyon tüpü için 40 µl olacak şekilde) eklenerek tekrar süspansiyon edilmiştir. Süspanse edilen miktar ölçüldüğünde 1002 µl gelmiş ve her bir tüpe 62 µl olacak şekilde dağıtılmıştır. Bu aşamada seyreltilmiş stok DNA kütüphanemizden tablo 1 de belirlenen miktarlar alınarak

- 95 derecede 2 dk
- 4 derecede sonsuz

Olacak şekilde thermocycler cihazında inkübe edilmiştir.

Yıkanıp hazır hale getirilen her bir DNA capture bead ekli tüplere, belirlenen DNA miktarları (seçilen her bir test örneği için 1, 2, 4, 14 µl alınacak şekilde) eklenmiş ve içerik karıştırılmıştır. Daha sonra hazırlanan Live Amplifikasyon Mix' den 215 µl her bir tüpe eklenip karıştırılarak emülsüfikasyon aşamasına geçilmiştir.

3.16.6 Emülsüfikasyon

Her bir emülsiyon tüplerinin içine, hazırlanan 16 yakalanan kütüphane (captured library) boşaltılmıştır. TissueLyser cihaz raflarına tüpler yerleştirilmiş ve cihazda 15 hz da 5 dk çalkalanmıştır.

3.16.7 Çoğaltım (amplifikasyon)

96 kuyucuklu (well) thermocycler plate üzerine DNA içeren emülsiyon tüpleri, her bir örnek için 100 µl alınarak dağıtılmıştır. Sonuçta her bir örnek için yaklaşık 10 kuyucuk kullanılmış ve 3 playt hazırlanmıştır. Bu playtlerin ağzı iyice kapatılarak çoğaltım rekasiyonuna hazır hale getirilmiştir.

3.16.8 Çoğaltım reaksiyonu (amplifikasyon reaksiyonu)

Hazırlanan 3 playt thermocycler cihazlara yerleştirilmiş ve her biri için aşağıdaki program uygulanmıştır;

- 5ºC block sıcaklığı
- 1x - 4 dk 94 derece
- 50x - 30sn 94 derece

-10 dk 60 derece

-10ºC sonsuz

Bu işlem yaklaşık 9 saat sürmüştür ve sonunda kuyucuklar kontrol edilerek emülsiyonun doğru gerçekleşip gerçekleşmediğine bakılmıştır. Alt tabaka ve üst tabakayı görebileceğimiz heterojen iki ayrı faz bize işlemimizin doğru gerçekleştiğini göstermiştir.

3.17 Boncuk Toplama (bead recovery)

3.17.1 Emülsiyonu toplama ve ilk yıkama

Bu aşamada Enhancing Fluid XT ve Annealing Buffer XT oda sıcaklığına alınmıştır. Aynı zamanda 16 tane ucu küt iğne ve 10 ml şırınga hazırlanmıştır. Temiz bir kap içine isopropanol ve Enhancing Fluid XT konmuştur. Her bir örnek için 1 şırınga, 1 şırıngaya uygun küt iğne ucu ve 1 mavi GS FLX Titanium emPCR (SV) filtresi kullanılmıştır. Thermocycler cihazından çıkarılan playtten, şırınga yardımıyla örnekler çekilmiştir. Daha sonra her bir kuyucuğa, 100 µl isopropanol eklenerek her bir örnek sırayla tekrar çekilmiştir. Şırınga ters çevrilmiş içine 3 ml hava çekilmiştir ve bu aşamadan sonra aşağıdaki prosedür her bir örnek için ayrı ayrı tekrarlanmıştır; küt uçlu iğne şırıngadan dikkatlice çıkarılmış ve mavi GS FLX Titanium emPCR (SV) filtre takılmıştır, vorteks üzerine Kimwipe yerleştirilmiş, şırınga baş aşağı çevrilerek 5 s maksimum hızda karıştırılmıştır.

3.17.2 Boncuk yıkama ve kurtarma

Her bir örnek, small volume emPCR kit protokolüne göre boncukları yağdan kurtarmak için önce isopropilalkol sonra Enhancing Fluid XT ile yıkanmış ve tüm numune spin -rotate -spin yapılarak toplanmıştır**.**

3.18 DNA Kütüphane Boncuklarının Zenginleştirilmesi

Melt solüsyon 50 ml su içerisine 625 µl NaOH eklenerek hazırlanmıştır. Tüpler spin-rotate-spin yapılmış, sıvı kısım atılmış ve tüplerin üzerine 1 ml hazırlanan melt solüsyon eklenerek 2 dk oda sıcaklığında inkübasyon yapılmıştır. Spin-rotate-spin yapılmış sıvı kısım atılmış ve bu işlem bir kere daha tekrarlanmıştır. Daha sonra tüplerin üzerine 1 ml Annealing Buffer XT eklenmiş, tüpler karıştırılmıştır. Örnekler tekrar spin-rotate-spin yapılarak sıvı kısım atılmıştır. Böylece bu aşamada hem boncuklar yıkanmış, hem de bağlanamayan veya zayıf bağlanan boncukların uzaklaştırılması sağlanmıştır. Bu aşamada tüplerin üzerine 200 µl Annealing Buffer XT eklenmiş ve miktar hesaplaması yapılarak toplam boncuk yüzdesi hesaplanmıştır.

Hesaplama aşamasından sonra spin-rotate-spin yapılarak sıvı atılmıştır. Her tüpe 30 µl Annealing Buffer XT eklenmiş ve kullanmadan hemen önce çıkartılıp karştırılan Enrichment Primer' den (zenginleştirme primerinden) her tüpe 6 µl eklenmiştir. 5 dk boyunca tüpler 65 derecede inkübe edilmiştir. Daha sonra her tüpe 500 µl Enhancing Fluid XT eklenip, karıştırılmıştır. Spin-rotate-spin yapılarak sıvı kısım atılmış ve tekrar 800 µl Enhancing Fluid XT eklenip karıştırılmıştır.

3.18.1 Zenginleştirme boncuklarının hazırlanması

Kahverengi zenginleştirme boncukları (Enrichment Bead) 1 dakika boyunca tüm içeriğiyle karıştırılmıştır. Her bir örneğe 20 µl eklenecek şekilde 320 µl zenginleştirme boncukları, manyetik parçacık yoğunlaştırıcı (MPC) kullanılarak 500 µl Enhancing Fluid XT ile GS FLX+ protokolüne uygun olarak yıkaması yapılmıştır.

3.18.2 DNA taşıyan boncukların (DNA carrying beads) zenginleştirilmesi

Her bir tüpe 20 µl zenginleştirme boncuğu (Enrichment Beads) eklenip karıştırılmıştır. Daha sonra her bir tüp, rotator da 5 dk oda sıcaklığında döndürülmüştür. Tüpler tekrar MPC cihazına konmuş 3-5 dk beklenerek zenginleştirme boncuklarının pelet

oluşturması beklenmiştir. Daha sonra 1000 µl pipet yardımıyla dikkatlice, kahverengi zenginleştirme boncuklarını almadan sıvı kısım çekilmiş ve atılmıştır. Bu yıkama işlemi aşağıdaki prosedür kullanılarak sıvı kısım berraklaşana kadar devam etmiştir.

- Her bir tüpe 500 µl Enhancing Fluid XT eklenir
- Tüpler vortekslenir.
- Tüpler MPC ye yerleştirilip pelet oluncaya kadar beklenir
- 1000 µl pipet yardımıyla sıvı kısım çekilerek atılır

Bu yıkamada amaç sekans kalitemizin bozulmaması için en başta kullanılan DNA yakalama boncuklarının ve bağlanamayan boncukların uzaklaştırılmasıdır.

3.18.3 Zenginleştirilmiş DNA boncuklarının toplanması

Zenginleştirilmiş boncuk içeren tüpler MPC den çıkartılıp 500 µl melt solüsyon ile tekrar sulandırılmıştır. 5 sn karıştırılan örnekler santrifüjde spin-rotate-spin edilmiştir. Ssıvı kısım yeni hazırlanan 1,5 ml'lik tüplere boşaltılmış, tekrar, zenginleştirilmiş boncuk içeren ilk tüpler 500 µl daha melt solüsyon eklenerek karıştırılmış, spin-rotate-spin yapılmış ve sıvı kısım yeni çıkarılan 1,5 ml' lik tüplerin üzerine eklenmiştir. Zenginleştirilmiş boncuk içeren eski tüpler ise atılmıştır. Bu aşamada her bir tüpe 100 µl Annealing Buffer XT eklenerek karıştırılmış ve boncukların zenginleşme oranları tekrar hesaplanmıştır.

Zenginleşme öncesi ve sonrasında hesaplanan değerler aşağıda verilen formüle göre kıyaslanarak zenginleştirme oranı hesaplanmıştır. Bu hesaplanan oranlar baz alınarak dizileme için kullanılacak emPZR klonal çoğalımında kullanılacak örneklerin miktarları belirlenmiştir

3.19 Örneklerin emPCR Çoğalımı

Bu aşamada emPCR Reagents box kutusunda bulunan kimyasallar çözülmüş ve 5s karıştırılmıştır. 16 adet emülsiyon yağı içeren tüp TissueLyser cihazına uygun iki raf üzerine 8 er adet, sırasıyla konularak cihaza yerleştirilmiş ve 25 Hz da 2 dk

çalkalanmıştır. 1ml 5x Mock Amplifikasyon Mix, 4ml Moleküler Biology Grade Water ile sulandırılarak karıştırılmış ve bu solüsyondan 290 µl alınarak her bir emülsiyon yağı içeren 16 tüpe eklenmiş, tüpler tekrar TissueLyser tüp rafları üzerine yerleştirilmiş 25 Hz da 5 dk çalkalanmıştır. 2 ml'lik iki ayrı tüpün içerisine aşağıdaki tabloda verilen reaktifler ve verilen miktarlar koyularak karışım hazırlanmıştır**.**

REAKTİFLER	**8 V EMÜLSİYON İÇİN KULLANILACAK MİKTAR**
Mol. Bio. Grade Water	480 µl
emPCR Additive	720 µl
5x Amplification Mix	420 µl
Amplification Primer	150 µl
emPCR Enzyme Mix	100 µl
PPiase	4 µl
Total:	1874µl

3.19.1 DNA kütüphanesini yakalama

DNA yakalama boncuklarını (DNA capture beads) yıkamak için 1 ml 10x Capcure Bead Wash Buffer TW içine 9 ml Moleküler Biology Grade Water eklenmiştir. Her bir örnek için 80 ml DNA yaklama boncuğu olacak şekilde 1,5 ml tüplere 1280 µl yakalama boncuğu ve 1ml Capture Bead Wash Buffer TW eklenip karıştırılmıştır. Tüp spin-rotate-spin yapılarak her seferinde sıvı kısım atılması ile yıkama yapılmıştır. Bu yıkama işlemi iki kere tekrarlanmıştır. Daha sonra pelet üzerine 640 µl Capcure Bead Wash Buffer TW (her bir emülsiyon tüpü için 40 µl olacak şekilde) eklenerek tekrar sulandırılmıştır. Sulandırılan miktar ölçüldüğünde 1010 µl gelmiş ve yeni 500µl'lik 16 tüpe 63 µl olacak şekilde dağıtılmıştır. Bu aşamada kullanılan GS FLX Titanium SV emPCR Kit (Lib-L) protokolü gereği DNA kütüphanesinden örnek başına 9,6 x 10^6 molekül/ µl alınacak şekilde solüsyon hazırlanmıştır. Bunun için parçalama işlemi tamamlanan 10^8 değerlikli cDNA kütüphanesinden 200 µl'lik PCR tüpü içine 50 µl stok

solüsyon, 5 µl kütüphaneden 45 µl TE ‘ den alınarak hazırlanmıştır. Daha sonra bu stoktan 48 µl örnek, 2 µl TE kullanılarak seyreltme yapılmış ve istenilen oranlara sahip yeni bir stok oluşturulmuştur. Emülsiyon titrasyonu sonucu belilenen değerler alınarak; 95 derecede 2 dk, 4 ºC de sonsuz olacak şekilde thermocycler cihazında inkübe edilmiştir.

Yıkanıp hazır hale getirilen her bir DNA yakalama boncuğu ekli tüplere, belirlenen DNA miktarları eklenmiş ve içerik karıştırılmıştır. Daha sonra hazırlanan Live Amplifikasyon Mix’ den 215 µl her bir tüpe eklenip karıştırılarak emülsüfikasyon aşamasına geçilmiştir.

3.19.2 Emülsüfikasyon

Her bir emülsiyon tüplerinin içine, hazırlanan kütüphane (captured library) boşaltılmıştır. TissueLyser cihaz raflarına tüpler yerleştirilmiş ve cihazda 15 hz da 5 dk çalkalanmıştır.

3.19.3 Çoğaltım (amplifikasyon)

96 kuyucuklu (well) thermocycler plate üzerine DNA içeren emülsiyon tüpleri, her bir örnek için 100 µl alınarak dağıtılmıştır. Sonuçta her bir örnek için yaklaşık 20 kuyucuk kullanılmıştır. Bu playtin ağzı iyice kapatılarak çoğaltım rekasiyonuna hazır hale getirilmiştir.
Hazırlanan playt thermocycler cihazlara yerleştirilmiş ve aşağıdaki program uygulanmıştır;

- 5 derece block sıcaklığı
- 1x - 4 dk 94 derece
- 50x - 30sn 94 derece

-10 dk 60ºC

-10ºC sonsuz

Bu işlem yaklaşık 9 saat sürmüştür ve sonunda kuyucuklar kontrol edilerek emülsiyonun doğru gerçekleşip gerçekleşmediğine bakılmıştır. Alt tabaka ve üst tabakayı görebileceğimiz heterojen iki ayrı faz bize işlemimizin doğru gerçekleştiğini göstermiştir.

3.20 Boncuk Toplama (bead recovery)

Bu aşamada Enhancing Fluid XT ve Annealing Buffer XT oda sıcaklığına alınmıştır. Aynı zamanda her bir örnek için ucu küt iğne ve 10 ml şırınga hazırlanmıştır. Temiz bir kap içine isopropanol ve Enhancing Fluid XT konmuştur. Her bir örnek için 1 şırınga, 1 şırıngaya uygun küt iğne ucu ve 1 mavi GS FLX Titanium emPCR (SV) filtresi kullanılmıştır. Thermocycler cihazından çıkarılan playtten, şırınga yardımıyla örnekler çekilmiştir. Daha sonra her bir kuyucuğa, 100 µl isopropanol eklenerek her bir örnek sırayla tekrar çekilmiştir. Şırınga ters çevrilmiş içine 3 ml hava çekilmiştir ve bu aşamadan sonra şu prosedür her bir örnek için ayrı ayrı tekrarlanmıştır; küt uçlu iğne şırıngadan dikkatlice çıkarılmış ve mavi GS FLX Titanium emPCR (SV) filtre takılmış içerik direk çöpe aktarılmıştır, tekrar 3 ml isopropilalkol çekilmiş, vorteks üzerine Kimwipe yerleştirilmiş, şırınga baş aşağı çevrilerek 5 sn maximum hızda karıştırılmış, içerik tekrar çöpe boşaltılmıştır. Bu adım 3 kere tekrarlanmıştır. 3 ml Enhancing Fluid XT çekilmiş, vorteks üzerine Kimwipe yerleştirilmiş, şırınga baş aşağı çevrilerek 5 sn maximum hızda karıştırılmıştır. Daha sonra şırıngayı hızlıca geriye çekerek filtrede kalan örnek toplanmış içerik 1,5 ml lik tüpe boşaltılmıştır. Tüp santrifüje alınmış spin-rotate yapılmış, sıvı kısım atılmıştır. Bu adım 3 kez tekrarlanarak örnek tüpte toplanmıştır.

3.21 DNA Kütüphane Boncuklarının Zenginleştirilmesi

Melt solüsyon 50 ml su içerisine 625 µl NaOH eklenerek hazırlanmıştır. Tüpler spin-rotate-spin yapılmış, süpernatant atılmış ve tüplerin üzerine 1 ml hazırlanan melt solüsyon eklenerek 2 dk oda sıcaklığında inkübasyon yapılmıştır. Spin-rotate-spin yapılmış süpernatant atılmış ve bu işlem bir kere daha tekrarlanmıştır. Daha sonra tüplerin üzerine 1 ml Annealing Buffer XT eklenmiş, tüpler karıştırılmıştır. Örnekler

tekrar spin-rotate-spin yapılarak süpernatant atılmıştır. Bu aşama da iki kere tekrarlanmış böylece hem boncuklar yıkanmış, hem de bağlanamayan veya zayıf bağlanan boncukların uzaklaştırılması sağlanmıştır. Bu aşamada tüplerin üzerine 200 µl Annealing Buffer XT eklenmiş ve miktar hesaplaması yapılarak toplam boncuk yüzdesi hesaplanmıştır.

Hesaplama için kullanılan formul ve çıkan değerler aşağıdadır;

$$\% \text{ boncuk kurtarma} = \frac{\text{Kurtarılan boncuk sayısı}}{\text{Konulan toplam boncuk sayısı}} \times 100$$

Hesaplama aşamasından sonra spin-rotate-spin yapılarak süpernatant atılmıştır. Her tüpe 30 µl Annealing Buffer XT eklenmiş ve kullanmadan hemen önce çıkartılıp karıştırılan Enrichment Primer' den (zenginleştirme primerinden) her tüpe 12 µl eklenmiştir. 5 dk boyunca tüpler 65 derecede inkübe edilmiştir. Daha sonra her tüpe 500 µl Enhancing Fluid XT eklenip, karıştırılmıştır. Spin-rotate-spin yapılarak süpernatant atılmış ve tekrar 800 µl Enhancing Fluid XT eklenip karıştırılmıştır.

3.21.1 Zenginleştirme boncuklarının hazırlanması

Kahverengi zenginleştirme boncukları (Enrichment Bead) 1 dakika boyunca tüm içeriğiyle karıştırılmıştır. Her bir örneğe 40 µl eklenecek şekilde 320 µl zenginleştirme boncukları, MPC kullanılarak 500 µl Enhancing Fluid XT ile GS FLX + protokolüne uygun olarak yıkaması şu şekilde yapılmıştır; zenginleştirme boncukları MPC ye alınmış, oluşan sıvı kısım atılmıştır, sonra 500 µl Enhancing Fluid XT eklenip karıştırılmış, tekrar MPC ye alınmıştır, oluşan sıvı ksım atılmış ve bu step 6 kez tekrarlanmıştır.

3.21.2 DNA taşıyan boncukların (DNA carrying beads) zenginleştirilmesi

Her bir tüpe 40 µl yıkaması yapılmış zenginleştirme boncuğu (Enrichment Beads) eklenip karıştırılmıştır. Daha sonra her bir tüp, rotator da 5 dk oda sıcaklığında

döndürülmüştür. Tüpler tekrar MPC cihazına konmuş 3-5 dk beklenerek zenginleştirme boncuklarının pelet oluşturması beklenmiştir. Daha sonra 1000 µl'lik pipet yardımıyla dikkatlice, kahverengi zenginleştirme boncuklarını almadan sıvı kısım çekilmiş ve atılmıştır. Bu yıkama işlemi aşağıdaki prosedür kullanılarak sıvı kısım berraklaşana kadar devam etmiştir.

- Her bir tüpe 500 µl Enhancing Fluid XT eklenir
- Tüpler karıştırılır
- Tüpler MPC ye yerleştirilip pelet oluncaya kadar beklenir
- 1000 µl pipet yardımıyla sıvı kısım çekilerek atılır
- Bu aşamalar 6 kez tekrarlanmıştır

Bu yıkama ile sekans kalitemizin bozulmaması için en başta kullanılan DNA yakalama boncuklarının ve bağlanamayan boncukların uzaklaştırılması sağlanmıştır.

3.21.3 Zenginleştirilmiş DNA boncuklarının toplanması

Zenginleştirilmiş boncuk içeren tüpler MPC den çıkartılıp 500 µl melt solüsyon ile tekrar sulandırılmıştır. 5 sn karıştırılan örnekler santrifüjde spin-rotate-spin edilmiştir. Süpernatant yeni hazırlanan 1,5 ml'lik tüplere boşaltılmış, tekrar, zenginleştirilmiş boncuk içeren ilk tüpler 500 µl daha melt solüsyon eklenerek karıştırılmış, spin-rotate-spin yapılmış ve sıvı kısım yeni çıkarılan 1,5 ml' lik tüplerin üzerine eklenmiştir. Zenginleştirilmiş boncuk içeren eski tüpler ise atılmıştır. Tekrar örnekler santrifüje alınmış, sıvı kısım atılmış ve üzerlerine 500 µl Annealing Buffer XT eklenerek iki kere daha yıkama yapılmış, sıvı kısım atılmıştır. Tüplere 60 µl Annealing Buffer XT eklendikten sonra sekans primeri bağlanması aşamasına geçilmiştir.

3.21.4 Sekans primerinin bağlanması

Her bir tüpün üzerine 12 µl sekans primeri (Sequencing Primer) eklenmiş 5 dk 65 ºC de inkübasyonları yapılarak hızlıca buz içine alınmıştır**.** Tüplere 500 µl Annealing Buffer XT eklenip karıştırılmıştır. Örnekler santrifüj edilip süpernatantları atılarak 3 kez yıkama yapılmıştır.

Bu aşamadan sonra her bir tüpe 100 µl Annealing Buffer XT eklenerek karıştırılmış ve dizilemede kullanılacak örneklerin miktarları ve zenginleşme değerleri hesaplanmıştır. Hesaplama için kullanılan formül aşağıdadır.

$$\% \text{ boncuk kurtarma} = \frac{\text{Kurtarılan boncuk sayısı}}{\text{Konulan toplam boncuk sayısı}} \times 100$$

Zenginleşme öncesi ve sonrasında hesaplana değerler tekrar hesaplanarak dizileme için kullanılacak örnek miktarları belirlenmiştir.
Tüm bu hazırlıkların ardından bağlanan primerler ile dizilemeye hazır hale getirilen örneklerin cihaza yerleştirilme aşamasına geçilmiştir. Bunun için yapılan hazırlık ve çalışma aşağıda anlatılmıştır.

3.22 GS FLX+ Cihazı İle Transkriptom Dizileme

GS FLX+ cihazının dizileme çalışmasında GS FLX Titanium Sequencing Kit XL+ kullanılmıştır. Cihaz dizileme için hazırlanırken, paralelinde örneklerimizi cihaza yüklemek için kullanılacak PicoTiterPlate (PTP) aleti de hazırlanmıştır. Başlamadan önce transkriptom dizileme için kullanılacak RNA örnekleri GS FLX+ Titanium serisine ait XL+ methodu ve uygun kitleri kullanılarak yukarıda anlatıldığı üzere hazır hale getirilmiştir.

3.22.1 Doğru picotiterplate (PTP) seçimi

8 RNA örneği için en uygun uzunlukta ve boncuk yükleme bölgesine sahip PTP ve buna uygun conta (plastik) kullanılmıştır

3.22.2 Reaktifler ve titanium bead buffer

GS FLX Titanium Sequencing Kit XL+ kutusunda bulunan sekans reaktifleri oda ısısında ışık görmeyecek şekilde 2 saat çözülmesi için su banyosunda bekletilmiştir.

3.22.3 Ön yıkama

Cihazın dizilemeye hazır hale getirilmesi için ön yıkama üretici firma protokolüne göre yapılmıştır.

3.22.4 Enzyme bead wash (EB wash) ve bead buffer 2 (BB2) hazırlığı

Önceden soğutulmuş 200 ml Titanium Bead Buffer şişesi üzerine 1,2 ml Titanium Supplement CB eklenmiştir. Karıştırıldıktan sonra 20 ml örnekten falkon içine dökülmüştür. Daha sonra Supplemented Titanium Bead Buffer şişesi üzerine 30,6 apyrase eklenerek BB2 hazırlanmış, 20 ml lik falkon içine alınmış örnek üzerine ise 6,8 µl Apyrase eklenerek EB Wash hazırlanmış ve buz üzerine alınmıştır.

3.22.5 PicoTiterPlate (PTP) hazırlığı

PTP cihazı hazırlanan BB2 içine daldırılarak kullanılana kadar oda ısısında bekletilmiştir. Kalan BB2 tekrar kullanılmak üzere buza alınmıştır. Sparklen solüsyon ile PTP cihazına yerleştirilecek 8 bölgeli plastik yıkanmıştır.

3.22.6 Boncukların (beads) hazırlanması

GS FLX + Sistem 4 çeşit mikropartikül (beads) ile çalışır. Aşağıda bu mikropartiküller ve fonksiyonlarından bahsedilmiştir.

DNA beads (DNA Boncukları): Dizilemede DNA kütüphanesini taşırlar
Enzyme Beads (Enzim Boncukları): Kemüleminesan sistemin immobolize olmuş enzim içeriğini taşır
PPiase Beads (Ppiase Boncukları): Herbir nükleotit, akış sırasında kuyucuktan kuyucuğa geçerken karışmayı önlemek için inorganik pirofosfatı (PPi) temizler.
Packing Beads (Paketleme Boncukları): PTP cihazında kuyucuklar içinde bulunan tüm immobolize olmuş sistemi sabitler.

Yukarıda anlatılan bu enzimler GS FLX+ sistemi içinde protokole uygun olarak kullanılmak üzere hazırlanmıştır.

3.22.7 Boncuk tabakalarının (bead layers) hazırlanması

Protokol gereği 4 boncuk tabakası (bead layer) hazırlanmıştır. Bu boncuk tabakalarının taşıdıkları katmanlar şu şekildedir:

Boncuk Katmanı 1 (Bead Layer 1): Enzim Boncukları (Enzyme Beadleri) ön tabaka
Boncuk Katmanı 2 (Bead Layer 2): DNA ve Paketleme boncuklarının (Packing Bead) tabakası
Boncuk Katmanı 3 (Bead Layer 3): Enzim Boncukları (Enzyme Beadleri) son tabaka
Boncuk Katmanı 4 (Bead Layer 4): PPiase boncuk tabakası (PPiase Bead tabakası)

3.22.8 Paketleme boncuklarının (packing beads) hazırlanması

Paketleme boncukları üzerine 1ml BB2 eklenip karıştırılmış, 10 000 rpm de 5 dk santrifüj edilmiş sıvı kısım atılmıştır. Bu işlem 3 kere tekrarlanarak yıkama yapılmıştır. 3. yıkamadan sonra 550 µl BB2 eklenerek tekrar sulandırılarak buz üzerine alınmıştır.

3.22.9 DNA boncuklarının (DNA beads) hazırlanması

1,5 ml lik tüplerin içerisine dizileme için belirlenen örnek miktarları (Ayvalık Temmuz pediselden 126 µl, Ayvalık Kasım pediselden 130 µl) konulmuştur. Bu arada dizilemenin gerçekleşip gerçekleşmediğini anlamak amaçlı DNA kontrol boncukları (DNA control beads) da her bir örnek için 6 µl alınarak üzerlerine eklenmiştir. DNA örneklerinin taşıyan tüpler santrifüj edilmiş ve sıvı kısım dikkatli bir şekilde her bir örnekte 15 µl lik hacim kalacak şekilde hesaplanarak atılmıştır. DNA boncuklarının inkübasyon karışımı için DNA Bead Incubation Mix (DBIM) hazırlandı. 15 ml lik falkon içine 1570 µl BB2, 150 µl polymerase kofaktör, 300 µl DNA polimeraze eklenerek oluşturulmuştur. Hazırlanan bu karışımdan her bir örnek içine 140 µl eklenmiştir ve böylece her bir örnek başına yüklenecek toplam hacim 155 µl olmuştur. Daha sonra örnekler oda sıcaklığında rotatora alınmış yükleme aşamasına kadar inkübasyonları yapılmıştır.

3.22.10 Enzyme ve ppiase boncuklarının hazırlanması

Enzyme ve PPiase boncukları MPC ye alınmış 2 dk bekletilmiş ve sıvı kısım dikkatli bir şekilde atılmıştır. Enzyme boncukları üzerine 1 ml EB Wash eklenip vortekslenmiş MPC cihazına alınmış oluşan sıvı kısım atılmıştır. Bu işlem 3 kere tekrarlanmıştır. Daha sonra Enzyme boncuklarının üzerine 1 ml EB Wash eklenip karıştırılarak buz üzerine alınmıştır.

PPiase boncukları ise 1 ml BB2 eklenerek yıkanmış. Yine MPC cihazı kullanılmış her seferinde oluşan sıvı kısım atılarak 3 aşamada yıkaması yapılmıştır. En son üzerine 500 µl BB2 eklenerek buz üzerine kaldırılmıştır.

Bu aşamadan sonra boncuk tabakaları (bead layers) hazırlanmıştır. Tabakalar aşağıda tabloda verilen kimyasallar ve miktarları 15 ml'lik falkon içinde birleştirilerek hazırlanmıştır:

BEAD LAYER	EB Wash veya BB2 (µl)	Enzyme Beads (µl)	Ppiase Beads (µl)	Toplam Hacim (µl)
1	3230 EB Wash	570	…	3800
3	2460 EB Wash	1340	…	3800
4	3340 BB2	…	460	3800

İkinci tabaka RNA örneğini taşıyan tüpler üzerine aşağıdaki kimyasallar ve oranları doğrudan eklenerek hazırlanmıştır.

Bead Layer	DNA Beads (µl)	Packing Beads (µl)	BB2 (µl)	Toplam Hacim (µl)
Bead Layer 2	155 (x8)	45 (x8)	125 (x8)	325 (x8)

3.22.11 PTP cihazının ıslatılması

PTP cihazına 8'lik conta yerleştirilip BDD üzerine sabitlendikten sonra ilk olarak cihaz Bead Buffer 2 den pipet yardımıyla her bir bölgeye 325 (x8) µl yüklenmiş ve 5 dakika 1620xg (2640 RPM) santrifüj edilerek yıkama yapılmıştır. Daha sonra tekrar pipet yardımıyla içindeki tüm tampon çözeltisi temizlenmiştir.

3.22.12 Boncuk tabakası 1'in (bead layer 1) yüklenmesi

Her bir bölgeye pipetle 325 (x8) µl hazırlanan Bead Layer 1 yüklenmiş, 5 dakika 1620xg (2640 RPM)'de santrifüj edilmiş ve içindeki sıvı tekrar çekilerek yükleme yapılmıştır**.**

3.22.13 Boncuk tabakası 2' nin (bead layer 2) yüklenmesi

Her bir RNA örneğini taşıyan 8 tüpten, PTP üzerinde bulunan 8 ayrı yükleme bölgesine 325 µl yükleme yapılmıştır. Daha sonra 10 dk 1620xg RCF (2640 RPM) de santrifüj

edildikten sonra her bölgedeki sıvı pipet yardımıyla çekilip atılarak yükleme tamamlanmıştır.

3.22.14 Boncuk tabakası 3'ün (bead layer 3) yüklenmesi

Her bir bölgeye 325 (x8) yükleme yapılarak 5 dk 1620xg RCF (2640 RPM) de santrifüj yapılmış, sıvı kısım ise tekar pipetle çekilerek atılmıştır.

3.22.15 Boncuk tabakası 4'ün (bead layer 4) yüklenmesi

Her bir bölgeye hazırlanan Bead Layer 4 'den 325 (x8) µl alınarak yükleme yapılmış, 5 dakika 1620xg RCF (2640 RPM) de santrifüj edilmiştir. Daha sonra sıvı kısım tamamen çekilmiş ve PTP dizilemeye hazır hale getirilmiştir**.**

3.22.16 Dizileme reaktiflerinin hazırlanması ve dizilemenin başlatılması

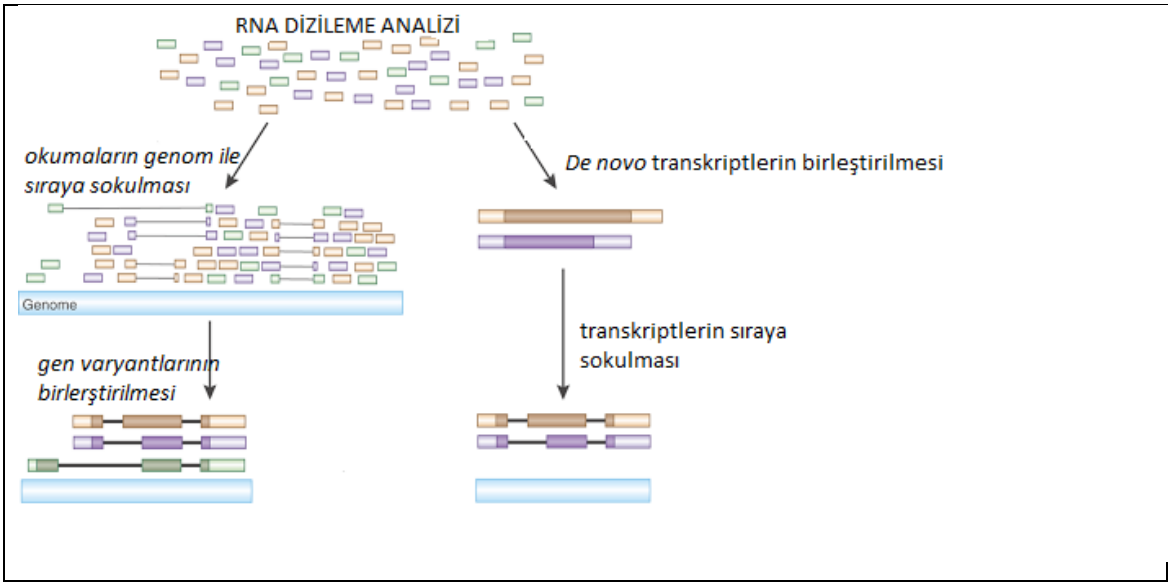
Oda sıcaklığında bekletilen Titanium Buffer CB şişelerine 13,2 ml Titanium Supplement CB ve 2 ml DTT eklenmiştir. Sekans reaktiflerinin bulunduğu tablada 9. sırada bulunana İnhibitör TW içine 32 µl sulandırılmış PPiase eklenmiştir. Tablada 11. sırada bulunan Apyrase Reagent Buffer üzerine 675 µl Apyrase eklenmiştir. Önce reaktiflerin bulunduğu tabla daha sonra da Titanium Supplemented CB tampon çözeltisi cihaza yerleştirilmiştir. PTP cihazından örneklerin yüklendiği kartuş dikkatlice çıkartılıp cihaza yerleştirilmiştir. Kullanılan reaktiflerin barkod numaraları cihaza okutularak dizileme başlatılmıştır.

3.23 Dizilerin Biyoinformatik Analizi

Dizileme sonuçları cihazdan sff dosyası şeklinde alınmıştır. Oluşan okuma parçaları adaptör bölgleri ve düşük kalitedeki okumalar, GS 454FLX+ cihazının bilgisayarında

bulunan filtreden süzülerek alınmıştır. Daha sonra bu okumalar öncelikle GS *De Novo* Assembler programında şu parametreler doğrultusunda hizalanarak birleştirilmiştir; okuma derinliği 0, minimum okuma uzunluğu 20 bç, başlangıç adımında en düşük değer 20, başlangıç uzunluğu 16, başlangıç sayısı 1, minimum örtüşme uzunluğu 40, ikili hizalama adımı için assembler tarafından kullanılan asgari örtüşme yüzdesi 90, birden çok çakışmalar bulunduğunda her bir örtüşme benzerliğinin kimliğinin sıralandığı parametre 2 ve birden çok çakışma durumunda her bir örtüşme farklılığının kimliğinin sıralandığı parametre -3 seçilmiştir. Bu belirlenen parametreler doğrultusunda her iki kütüphanede bulunan okumalar ayrı ayrı birleştirilmiştir.

Daha sonra yine cihazda bulunan GS Reference Mapper programı kullanılarak uluslararası zeytin genom konsörsiyumu kapsamında genomu dizilenerek 4x derinliğinde okuma elde edilen Ayvalık (*O. europea* L. *cv.* Ayvalık) bitkisinin kendi genomu üzerine okumalar haritalandırılarak birleştirilmiştir. Mapper programında yine her iki kütüphane ayrı ayrı şu parametreler kullanılarak birleştirilme işlemi gerçekleştirilmiştir; kabul edilen derinlik 0, minimum okuma uzunluğu 20, başlangıç adımı 20, başlangıç uzunluğu 16, başlangıç sayısı 1, her bir başlangıç eşleşmelerinin limiti 70, minimum çakışma uzunluğu 40, minimum çakışma benzerliği 90, hizalama benzerlik skoru 2, hizalama farklılık skoru -3, tekrarlama eşik skoru 12 seçilmiştir.



Şekil 3.23. 1 RNA dizileme sonucu oluşan okumaların birleştirilmesi (Haas, B.J. and Zody, M.C. 2010)

Birleştirme işlemleri tamamlandığında oluşan kontigler fasta dosyası olarak alınmıştır. NCBI veri tabanından **(**ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/**)** yüklü olan tüm nükleotitler (nt.gz 25 07 2015 19:35:00) indirilmiş, ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan makeblastdb programında kullanabileceğimiz uygun formata çevrilmiştir. Bu nükleotit formatı veritabanı seçilerek her bir örnek için fasta formatında oluşturulan kontiglerin, ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan blast programı yardımıyla blastn'leri e value -10 parametresine göre yapılmıştır. Blastn sonucu oluşan dosyada NCBI veritabanından indirilen genlerle benzerlik gösteren, Temmuz ve Kasım aylarına ait pedisel dokularında ifade olunan genlere ait GI numaraları NCBI veri tabanında (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez) bulunan çoklu arama programı ile taranmış ve genlerin kimlikleri belirlenmiştir.

Daha sonra yine NCBI veri tabanından (ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/) yüklü olan tüm EST dizileri (est.others.gz 25 07 2015 22:06:00) indirilmiş, ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan makeblastdb programında kullanabileceğimiz uygun formata çevrilmiştir. Bu EST formatı veritabanı seçilerek her bir örnek için fasta formatında oluşturulan kontiglerin, ubuntu BİOLİNUX 8 yazılımında bulunan blast programı yardımıyla tekrar blastn'leri e value -10 parametresine göre yapılmıştır. Blastn

sonucu oluşan dosyada NCBI veritabanından indirilen genlerle benzerlik gösteren, Temmuz ve Kasım aylarına ait pedisel dokularında ifade olunan EST'lere ait GI numaraları NCBI veri tabanında (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez) bulunan çoklu arama programı ile taranmış ve EST'lerin kimlikleri belirlenmiştir.

Pedisel dokularında ifade edilen protein bilgisine ulaşmak için yine yine NCBI veri tabanından **(**ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/) yüklü olan tüm protein dizileri (nr.gz 28 07 2015 17:07:00) indirilmiş, ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan blast programında kullanabileceğimiz uygun formata çevrilmiştir. Bu format veritabanı seçilerek her bir örnek için fasta formatında oluşturulan kontiglerin, ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan blast programı yardımıyla blastx'leri yapılmıştır. Blastx sonucu oluşan dosyada NCBI veritabanından indirilen genlerle benzerlik gösteren, Temmuz ve Kasım aylarına ait pedisel dokularında ifade olunan protein bilgisine ait GI numaraları NCBI veri tabanında (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez) bulunan çoklu arama programı ile taranmış ve proteinlerin kimlikleri belirlenmiştir.

Temmuz pedisel dokusu ile Kasım pedisel dokusunda ifade edilen otak genleri bulmak için Temmuz pedisel dokusuna ait, fasta formatında bulunan kontigler, BIOLINUX 8 yazılımında bulunan makeblastdb programı ile veritabanı formatına dönüştürülmüştür. Daha sonra yine blast programı yardımıyla Kasım okumalarında oluşan fasta formatındaki kontiglerin, Temmuz okumalarından oluşturulan veritabanı üzerine blastn'leri e value -10 parametresi kullanılarak yapılmıştır. Oluşan sonuç dosyasında benzerlik gösteren kontigler belirlenmiştir. Bu sonuç dosyasına göre ortak olan kontiglere ait sekans bilgisi fasta formatında alınarak NCBI'dan **(**ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/) indirilen ve ubuntu biolinux8 versiyonunda bulunan blast programı yardımıyla veritabanı formatına dönüştürülen tüm nükleotit (nt.gz 25 07 2015 19:35:00) bilgisi üzerine blastlanmıştır. Oluşan sonuç dosyasında NCBI da bulunan genlerle benzerlik gösteren genlerin GI numaraları internette NCBI'da http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez bulunan çoklu arama motoru yardımıyla taranmış ve kimlikleri belirlenmiştir. Daha sonra belirlenen her bir gen ayrı ayrı her iki kütüphaneye ait gen bilgisini içeren exel dosyasında saydırılmış ve kütüphanelerin toplam gen sayısına bölünerek, o gene ait ifade yüzdesi ortaya

konulmuştur. Her bir gene ait ifade yüzdesi kütüphaneler içinde oranlanarak (aynı genin Temmuz pedisel dokusunda ifade yüzdesi Kasım'da ifade edilen yüzdesine oranlanmış, Kasımda ifade edilen yüzdesi ise Temmuzdaki ifade yüzdesine oranlanmış) kütüphaneler arasında ifade edilen genlerin kat farkı belirlenmiştir.

Temmuz pedisel dokusunda ifade edilen genlerin, Kasım pedisel dokusunda ifade edilen genlerden farkını belirlemek için öncelikle Kasım pedisel dokusuna ait fasta formatında bulunana kontigler ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan makeblastdb programı kullanılarak veritabanına dönüştürülmüş, daha sonra Temmuz okumalarından oluşan kontiglerin bu veritabanı üzerine blastn'leri yapılmıştır. Oluşan dosyada benzerlik gösteren kontigler belirlenmiş, Windows'da bulunan Microsoft Access veritabanı kullanılarak tüm Temmuz pedisel kontiglerinden benzerlik gösteren bu kontigler çıkarılmıştır. Böylece geriye sadece benzerlik göstermeyen kontigler kalmıştır. Bu kontiglere ait fasta formatında bulunan dizi bilgisi NCBI'dan (ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/) indirilen ve ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan makeblastdb programı yardımıyla veritabanı formatına dönüştürülen tüm nükleotit (nt.gz 25 07 2015 19:35:00) bilgisi üzerine blastlanmıştır. Oluşan sonuç dosyasında NCBI da bulunan genlerle benzerlik gösteren genlerin GI numaraları internette NCBI'da http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez bulunan çoklu arama motoru yardımıyla taranmış ve kimlikleri belirlenmiştir. Daha sonra belirlenen her bir gen ayrı ayrı her iki kütüphaneye ait gen bilgisini içeren exel dosyasında saydırılmış ve kütüphanelerin toplam gen sayısına bölünerek, o gene ait ifade yüzdesi ortaya konulmuştur. Her bir gene ait ifade yüzdesi kütüphaneler içinde oranlanarak (aynı genin Temmuz pedisel dokusunda ifade yüzdesi Kasım'da ifade edilen yüzdesine oranlanmış, Kasım'da ifade edilen yüzdesi ise Temmuz'daki ifade yüzdesine oranlanmış) kütüphaneler arasında ifade edilen genlerin kat farkı belirlenmiştir.

Kasım pedisel dokusunda ifade edilen genlerin, Temmuz pedisel dokusunda ifade edilen genlerden farkını belirlemek için ilk olarak Temmuz pedisel dokusuna ait fasta formatında bulunana kontigler ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan makeblastdb programı kullanılarak veritabanına dönüştürülmüş, daha sonra Kasım okumalarından

oluşan kontiglerin bu veritabanı üzerine blastn'leri yapılmıştır. Oluşan dosyada benzerlik gösteren kontigler belirlenmiş, Windows'da bulunan Microsoft Access veritabanı kullanılarak tüm Kasım pedisel kontiglerinden benzerlik gösteren bu kontigler çıkarılmıştır. Böylece geriye sadece benzerlik göstermeyen kasım pedisel dokusuna ait kontigler kalmıştır. Bu kontiglere ait fasta formatında bulunan dizi bilgisi NCBI'dan (ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/) indirilen ve Ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan makeblastdb programı yardımıyla veritabanı formatına dönüştürülen tüm nükleotit (nt.gz 25 07 2015 19:35:00) bilgisi üzerine blastlanmıştır. Oluşan sonuç dosyasında NCBI da bulunan genlerle benzerlik gösteren genlerin GI numaraları internette NCBI'da http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez bulunan çoklu arama motoru yardımıyla taranmış ve kimlikleri belirlenmiştir. Daha sonra belirlenen her bir gen ayrı ayrı her iki kütüphaneye ait gen bilgisini içeren excel dosyasında saydırılmış ve kütüphanelerin toplam gen sayısına bölünerek, o gene ait ifade yüzdesi ortaya konulmuştur. Her bir gene ait ifade yüzdesi kütüphaneler içinde oranlanarak (aynı genin Temmuz pedisel dokusunda ifade yüzdesi Kasım'da ifade edilen yüzdesine oranlanmış, Kasım'da ifade edilen yüzdesi ise Temmuz'daki ifade yüzdesine oranlanmış) kütüphaneler arasında ifade edilen genlerin kat farkı belirlenmiştir.

Kütüphaneler arasındaki gen ifade farklılıkları ayrıca Reads Per Kilobase per Million mapped reads (RPKM) yani her haritalandırılmış milyon okuma başına karşılık gelen kilobaz okuma sayısı hesaplaması ile de belirlenmiştir. Bunun için dizileme sonucu elde edilen okumalar zeytin genom konsörsiyumu kapsamında genomu dizilenerek 5x derinliğinde genom bilgisi elde edilen Ayvalık (*O. europea* L. *cv.* Ayvalık) bitkisinin kendi genomu üzerine haritalandırılmıştır ve şu formüle göre RPKM hesaplamaları her bir gen için CLC Genomics Workbench yazılımı aracılığıyla tamamlanmıştır.

$$\text{RPKM} = \frac{\text{Haritalandırılabilir okuma sayısı}}{\text{Okuma uzunluğu (kb) x toplam okuma sayısı (millions)}}$$

Gen veya protein dizilerinin sınıflandırılması ve işlevsel analizini yapmak için Blast2GO programı kullanılmıştır (Conesa *et al.* 2005). Bu çalışmada Blast2GO için CLC Genomics Workbench 7.0.4 yazılımından yararlanılmıştır. Örnekler için yapılan dizileme sonucu elde edilen ve Ayvalık bitkisinin kendi genomu üzerine haritalandırma yapılarak oluşturulan kontiglerin dizi bilgisi ile benzeşme gösterebilecek potansiyel dizi bilgileri kullanılmıştır. Bu genlerin görev aldığı aşamalar, fonksiyonları ve katıldığı yapı bilgisi olmak üzere GO terimleri kullanılarak sınıflandırmaları yapılmıştır. Bunun için ilk olarak NCBI veritabanı üzerinden bizim elimizde bulunan haritalandırılarak oluşturulmuş okumalar blastx yapılmıştır. Daha sonra bu blast sonucunda elde edilen dosya, Blast2GO yazılımına aylık olarak GO Consortium aracılığıyla indirilen sınıflandırma dosyaları üzerine haritalandırılmıştır ve genler sınıflandırılmıştır. Arkasından dizi grupları arasında bulunan farklılıkların GO terimi dağılımına göre istatiksel analizleri yapılmıştır. Bu analizlerden elde edilen sonuçların her biri GO DAG programı üzerinde grafiğe dönüştürülmüştür. Daha sonra enzim kodları ve KEGG yolağı aracılığıyla proteinlerin görev aldığı yolaklar belirlenmiştir (Götz *et al.* 2008).

Oluşturulmuş olan Temmuz ve Kasım kütüphanelerinde ortak ifade edilen genlerin bulunduğu dosya, Temmuz pedisel dokusunda, Kasım pedisel dokusundan farklı olarak ifade edilen gen dosyası ve Kasım pedisel dokusunda Temmuz pedisel dokusundan farklı olarak ifade edilen gen dosyası kullanılarak transkriptom sonucumuza göre farklı katsayıda ifade edildiği belirlenen 10 gen (*beta tubulin, transport membrane, 14-3-3, acyl (carrier protein), ethylene intensive 3, atpF, clp protease proteolytic, ABC transporter B family, nad1, sdh3*) için gerçek zamanlı PZR analizinde değerlendirilmek üzere primer tasarlanmıştır. Primer tasarımı için bu genlere ait dizi bilgisi, ilk olarak internette nükleotit blast (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) programı kullanılarak aratılmıştır. Böylece hem dizinin istenilen gene ait olup olmadığı bilgisi teyit edilmiş hem de en çok benzerlik gösteren organizmaya ait genin dizisi alınarak, CLUSTALW2 programı yardımıyla, bizim kütüphanemizde ifade edilen genin dizi bilgisiyle en çok benzerlik gösteren yerler belirlenmiştir. Bu benzerlik gösteren bölgelerden primer3 (http://bioinfo.ut.ee/primer3-0.4.0/) programı yardımıyla ortalama primer uzunluğu 18-20 bç aralığında, en uygun GC içeriği% 50-60 arasında olacak şekilde, erime sıcaklığı

55-60 ° C ve yaklaşık 100-220 bç'lik bir bölgeyi çoğaltacak şekilde ileri ve geri primerler tasarlanmıştır.

3.24 Gerçek Zamanlı PZR Analizi

Light Cycler, sıcak hava akımıyla ısınan bir kapalı sistemdir. Performans olarak hem duyarlılığı hem özgüllüğü ABI 7700 sistemine eşit olarak bildirilmiştir. Yirmi dakikaya kadar inebilen RT-PCR olanağına karşın yalnızca 32 reaksiyon gerçekleştirebilen bir sistemdir. Üç foto saptama ucuyla farklı dalga boylarına yayılabilen bir görsellik avantajı vardır ve PZR döngülerinin her biri sonunda ekrana bilgi yansımasıyla gerçek bir "eş- zamanlı" yöntemidir.

3.24.1 Tek zincirli cDNA oluşturulması

Eş zamanlı PZR yapılabilmesi için Fermentas First Strand cDNA Synthesis Kit (Thermo Fisher Scientific) kullanılarak cDNA yapılmıştır. İzole edilen RNA, oligo dT, dNTP, reaksiyon tampon çözeltisi, RNase inhibitörü ve "reverse transcriptase" enzimi 65° C de 5 dk inkübe edilerek, tek zincirli cDNA hazırlanmıştır. Hazırlanan cDNA ların yarı nicel analizi ve çalışma koşullarının kontrolü için 1/5, 1/10, 1/20 sulandırmaları su ile yapılarak, housekeeping bir gen olan 18S Ribosomal RNA primeri ile PZR'ları yapılmıştır. PZR reaksiyonu için kullanılan protokol şu şekilde olmuştur; her bir örnek için PZR tüpüne 0,5µl 10mM dNTP, 4µl $MgCl_2$, 2,5µl 10x Taq Buffer, 0,25µl Taq pol, 13,75µl su, ileri ve geri primerlerden 0,1(100pmol) µl, sulandırması yapılmış cDNA lardan ise 2 şer µl eklenerek BIO-RAD T100 thermocycler cihazına yerleştirilmiştir. PZR koşulları 94°C de 3dk, 95°C de 30sn, 55°C de 30sn, 72°C de 30 sn, 72°C de 10 dk, 4°C de sonsuz olacak şekilde hazırlanmıştır. Oluşan ürünlerin üzerine 2µl loading dye eklenerek % 1,5'luk agaroz jel hazırlanmış ve elektroforeze 10µl ürün yüklenerek yaklaşık 1 saat yürütülmüşlerdir. Markör olarak 100 bç aralığında gen cetveli kullanılmıştır.

3.24.2 Primerlerin çalışma koşullarının optimizasyonu

Her bir gen için tasarlanan primerlerin PZR koşullarının en uygun çalışma sıcaklığını belirlemek üzere PZR reaksiyonu kurulmuştur. Her bir primer örneği için için PZR tüpüne 0,5µl 10mM dNTP, 4µl $MgCl_2$, 2,5µl 10x Taq Buffer, 0,25µl Taq pol, 13,75 µl su, ileri ve geri primerlerden 0,1(100pmol) µl, 1/10 sulandırması yapılmış cDNA'dan ise 2 şer µl eklenerek toplam hacim 20 µl olacak şekilde BIO-RAD T100 thermocycler cihazı kullanılarak PZR reaksiyonu gerçekleştirilmiştir. PZR koşulları 94°C de 3dk, 95°C de 30sn, 55°C de 30sn, 72°C de 30 sn, 72°C de 10 dk, 4°C de sonsuz olacak şekilde reaksiyon oluşturulmuştur. Oluşan PZR ürünlerin üzerine 2µl loading dye eklenmiş, % 1,5 luk agaroz jel hazırlanmış ve elektroforeze 10 µl ürün yüklenerek yürütülmüşlerdir. Markör olarak 100 bç aralığında gen cetveli kullanılmıştır ve primerlerin bant verme durumlarına göre bağlanma sıcaklıkları belirlenmiştir.

3.24.3 Gerçek zamanlı PZR

Seçilen genlerin Temmuz ve Kasım pedisel dokularındaki ifade seviyeleri gerçek zamanlı PZR ile belirlenmiştir. Bu amaç için, oluşturulan tek zincirli cDNA'lar, geliştirilen primerler, SYBR Green I Master (Roche) kullanılarak Roche LightCycler®480 cihazında çoğaltılmış ve PZR'nin her bir döngüsünün ardından oluşan ürün miktarı ile orantılı olarak artan floresan boyanın verdiği sinyaller analiz edilmiştir. Deneysel hataların en aza indirilmesi için her örnek 3 tekrarlı olarak hazırlanmıştır. Örneklerin ifade düzeylerinin normalizasyonu için 18S geni kontrol olarak kullanılmıştır. SYBR Green I deneyi gerçek zamanlı qPCR sistemi olan (LightCycler ® 480 Real-Time PCR System, Roche) 2X'lik Fast SYBR® Green Master Mix, (Roche, cat no: 4385612) kullanılarak yapılmıştır. Deney tüpüne, 0.1 µL ileri primerinden 0.1 µL geri primerinden, 7.8 µL nukleaz içermeyen sudan, 10 µL Fast SYBR® Green Master Mix eklenerek 18 µL'ye ulaşan hacim 96 kuyucuklu pleytten, her bir reaksiyon kuyucuğuna ayrı ayrı konulmuş, ölçüm yapılacak olan cDNA ürününlerinden 2 µL eklenerek qPCR cihazına yerleştirilmiştir. qPCR cihazında programlama ise 95 °C' de 5 dakika ön bekletmeyi takiben, 55 döngü 95 °C' de 10

saniye, 55 °C' de 20 saniye ve 72 °C'de 10 saniye şeklinde yapılmıştır. Melting eğrisi analizi için ise örnekler 95 °C'de denature edilip 55 °C'de 1dk bekletilmişlerdir.

3.24.4 Sonuçların analizi

Sonuçlar LightCycler ®480 Software yazılımı aracılığı ile analiz edilmiştir. PZR sonucunda her bir örnek için Ct (Cycle Treshold - Eşik Döngü) değerleri elde edilmiştir. Her bir gene ait ifade değeri 18S geni ile normalize edilmiştir. Ardından, genlerin anlatım düzeyleri $2^{(-\text{Delta Delta Ct})}$ metodu (Livak and Schmittgen, 2001) kullanılarak hesaplanmıştır.

4. BULGULAR VE SONUÇLAR

4.1 Ayvalık Temmuz ve Kasım Pedisellerin RNA İzolasyon Sonuçları

İzmir Zeytincilik (2013)‘ ten, biyolojik tekrar amaçlı üç farklı ağaçtan temin edilen Temmuz ve Kasım aylarına ait pedisel dokularından trizol (Ambion, life technology) yöntemiyle izole edilen RNA ların saflık analizi nanodrop (ND-2100c, Thermo) ile ölçülmüş ve değerler Çizelge 4.1.1 ve Çizelge 4.1.2 de verilmiştir.

Çizelge 4.1.1 Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu

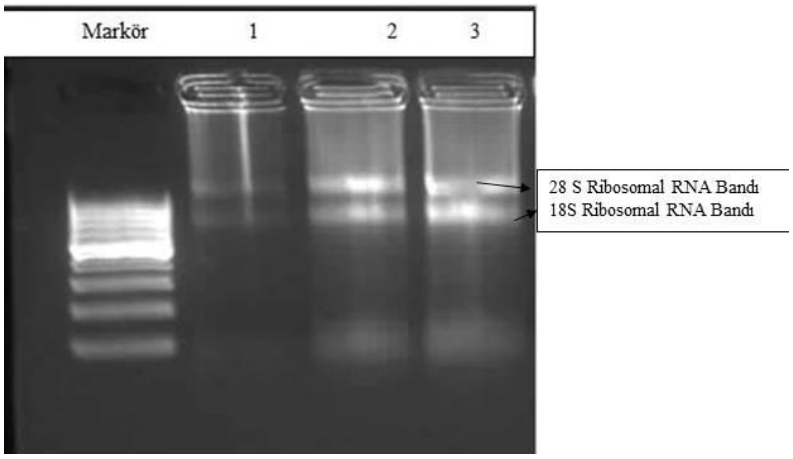
ÖRNEĞİN ADI	**NÜKLEİK ASİT KONSANTRASYONU (ng/ µl)**	**260/280 µl**	**260/230 µl**
Ayvalık Temmuz pedisel Birinci ağaç	160,2	1,81	1,04
Ayvalık Temmuz pedisel İkinci ağaç	1008,5	1,81	0,67
Ayvalık Temmuz pedisel Üçüncü ağaç	3973,6	1,8	1,21

Çizelge 4.1.2 Ayvalık Kasım pedisel RNA larının nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu

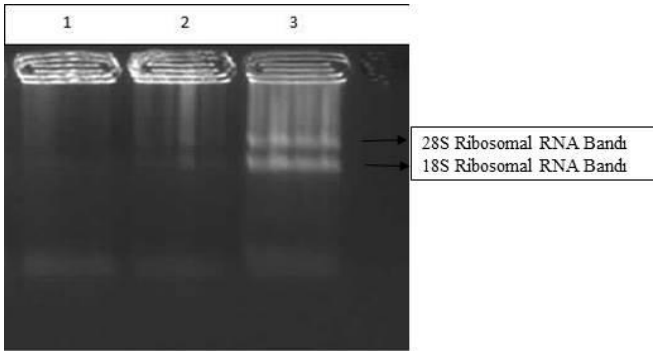
ÖRNEĞİN ADI	**NÜKLEİK ASİT KONSANTRASYONU (ng/µl)**	**260/280 µL**	**260/230 µL**
Ayvalık Kasım pedisel Birinci ağaç	476,1	1,43	0,38
Ayvalık Kasım pedisel İkinci ağaç	887,5	1,48	0,54
Ayvalık Kasım pedisel Üçüncü ağaç	611,9	1,67	0,52

İzole edilen RNA’ların bütünlüğünü kontrol etmek için % 2’lik agaroz jel hazırlanmış 1:1 oranında üçer µl örnek, boya ve RNA’ları kıyaslamada kullanılacak

markör olarak 50 bç aralığında gen cetveli jele yüklenerek 100 volt enerjiyle 1 saat yürütülmüştür. Jel görüntüleri Şekil 4.1.1 ve Şekil 4.1.2'de verilmiştir.



Şekil 4.1.1 Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının jel görüntüsü (Markör: 50 bp gen cetveli, 1- Ayvalık Temmuz pedisel birinci ağaç, 2- Ayvalık Temmuz pedisel ikinci ağaç, 3- Ayvalık Temmuz pedisel üçüncü ağaç)



Şekil 4.1.2 Ayvalık Kasım pedisel RNA larının jel görüntüsü (1- Ayvalık Kasım pedisel birinci ağaç, 2- Ayvalık Kasım pedisel ikinci ağaç, 3- Ayvalık Kasım pedisel üçüncü ağaç)

4.2 Ayvalık Temmuz ve Kasım Pedisel RNA larının Yıkama Sonuçları

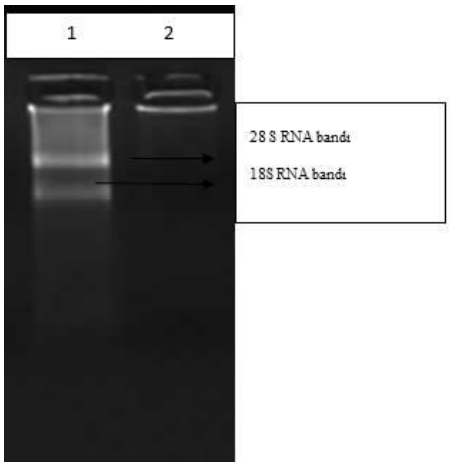
RNA ların yıkanması için QIAGEN firmasına ait RNeasy Mini Kit kullanılarak materyal method 3.3'de bahsedildiği gibi yapılmıştır.

4.2.1 Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının yıkama sonucu

Her bir örnekten 5000 ng RNA alınacak şekilde yıkama yapılmıştır. Alınan miktarlar şu şekilde belirlenmiştir; Ayvalık Temmuz pedisel birinci ağaçtan 32 µl, Ayvalık Temmuz pedisel ikinci ağaçtan beş µl, Ayvalık Temmuz pedisel üçüncü ağaçtan dört µl dir. Çizelge 4.2.1.1 de bu RNA lara ait nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu, Şekil 4.2.1.1 de ise jel görüntüsü bulunmaktadır.

Çizelge 4.2.1.1 Yıkaması yapılan Ayvalık Temmuz pedisel RNA'larının nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu

ÖRNEĞİN ADI	**NÜKLEİK ASİT KONSANTRASYONU (ng/µl)**	**260/280**	**260/230**
Ayvalık Temmuz pedisel yıkama birinci elüsyon	347,5	2,13	2,19
Ayvalık Temmuz pedisel yıkama ikinci elüsyon	56,7	2,1	1,65



Şekil 4.2.1.1 Yıkaması yapılan Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının jel görüntüsü (1- Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının birinci elüsyon jel görüntüsü, 2- Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının ikinci elüsyon jel görüntüsü)

4.2.2 Ayvalık Kasım pedisel RNA'larının yıkama sonuçları

QIAGEN firmasına ait RNeasy Mini Kit kullanılarak yıkaması yapılan Ayvalık Kasım pedisel birinci ve ikinci ağaçtan izole edilen RNA ların her birinden 10 000 ng RNA alınacak şekilde birleştirme yapılmış ve alınan oranlar şu şekilde olmuştur: Ayvalık Kasım pedisel birinci ağaçtan 21 µl, Ayvalık Kasım pedisel ikinci ağaçtan 11,2 µl dir. Yıkaması yapılan RNA'ların Nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu Çizelge 4.2.2.1'de, jel görüntüleri ise Şekil 4.2.2.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.2.2.1 Yıkaması yapılan Ayvalık Kasım pedisel RNA'larının nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu

ÖRNEĞİN ADI	**NÜKLEİK ASİT KONSANTRASYONU (ng/µl)**	**260/280**	**260/230**
Ayvalık kasım pedisel birinci ve ikinci ağaç birinci elüsyon yıkama sonucu	144,1	1,97	1,05
Ayvalık kasım pedisel birinci ve ikinci ağaç ikinci elüsyon yıkama sonucu	40,9	2,07	0,78



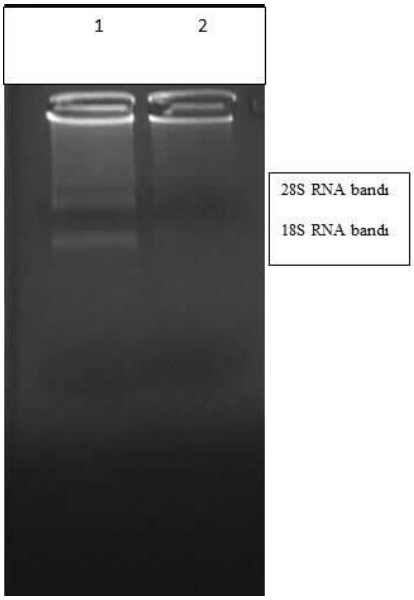
Şekil 4.2.2.1 Yıkaması yapılan Ayvalık kasım pedisel RNA'larının jel görüntüsü (1- Ayvalık kasım pedisel brinci ve ikinci ağaçlara ait RNA'ların birinci elüsyonu, 2- Ayvalık kasım pedisel brinci ve ikinci ağaçlara ait RNA'ların ikinci elüsyonu)

4.2.2.1 Ayvalık Kasım pedisel 3. ağaç

Bu örnekten 20 µl alınarak RNA lar QIAGEN firmasına ait RNeasy Mini Kit protokolüne göre yıkanmıştır. Yıkaması yapılan RNA'ların Nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu Çizelge 4.2.2.1.1'de, jel görüntüleri ise Şekil 4.2.2.1.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.2.2.1.1 Yıkaması yapılan Ayvalık Kasım pedisel üçüncü ağaca ait nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu

ÖRNEĞİN ADI	**NÜKLEİK ASİT KONSANTRASYONU (ng/µl)**	**260/280**	**260/230**
Ayvalık kasım pedisel Üçüncü ağaç yıkama birinci elüsyon	99,4	2,12	0,86
Ayvalık kasım pedisel Üçünü ağaç yıkama ikinci elüsyon	38,7	2,1	1,15



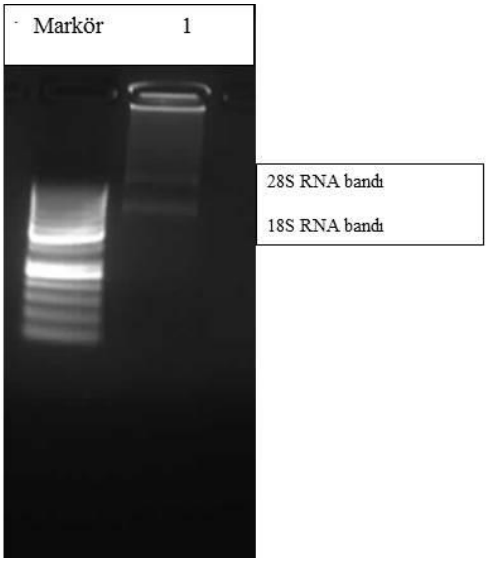
Şekil 4.2.2.1.2 Yıkaması yapılan Ayvalık Kasım pedisel üçüncü ağaca ait jel görüntüsü (1- Ayvalık Kasım pedisel üçüncü ağaca ait RNA ların birinci elüsyonu 2- Ayvalık Kasım pedisel üçüncü ağaca ait RNA ların ikinci elüsyonu)

4.2.2.2 Ayvalık Kasım Pedisel RNA larınn birleştirilmesi

Bu aşamada her üç bitki için yıkaması yapılmış Ayvalık Kasım pedisel RNA örnekleri analiz için bir tüpte birleştirilmiştir. Bu birleşme sonucu oluşan örneğin nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu Çizelge 4.2.2.2.1'de ve jel görüntüsü Şekil 4.2.2.2.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.2.2.2.1 Birleştirilerek oluşturulmuş Ayvalık Kasım pedisel RNA larınn nanodrop (ND-2100c, Thermo) sonucu

ÖRNEĞİN ADI	**NÜKLEİK ASİT KONSANTRASYONU (ng/µl)**	**260/280**	**260/230**
Birleştirilen üç Ayvalık Kasım Pedisel Örneği	105,2	2,04	0,94



Şekil 4.2.2.2.2 Birleştirilerek oluşturulmuş Ayvalık Kasım pedisel RNA larınn jel görüntüsü

4.3 Parçalama İçin Alınan RNA ve Su Miktarı

Roche 454 GS FLX+ serisine ait cDNA Rapid Library Preparation Method Manual protokolüne göre fragmantasyonu yapılan örneklerden alınan RNA ve su miktarı Çizelge 4.3.1 de verilmiştir

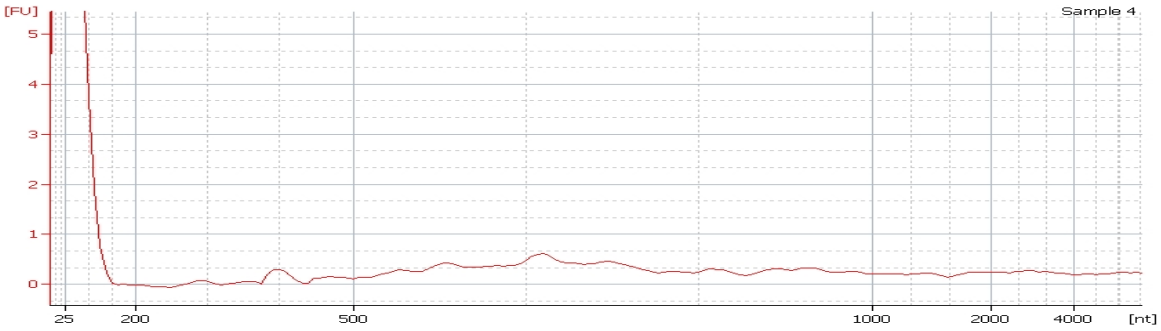
Çizelge 4.3.2 Parçalama için alınan RNA ve su miktarı

ÖRNEKLER	PARÇALAMA İÇİN ALINAN RNA MİKTARI	PARÇALAMA İÇİN ALINAN SU MİKTARI
Ayvalık Temmuz pedisel	1,2 µl	17,8 µl
Ayvalık Kasım pedisel	7 µl	12 µl

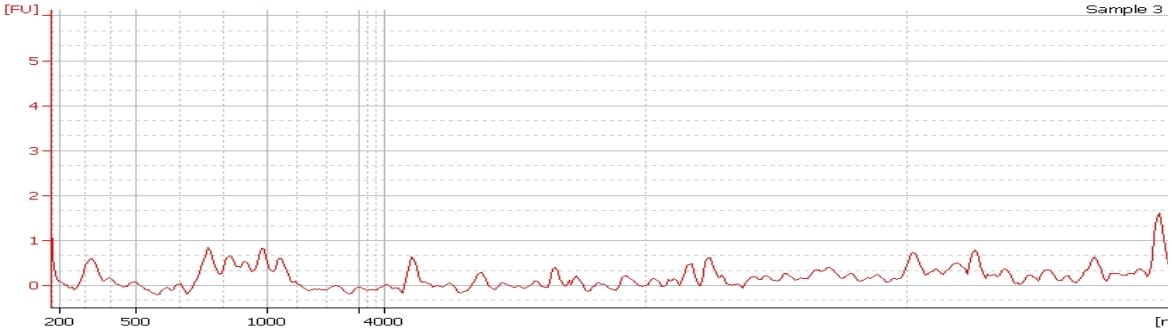
4.4 RNA Parçalama Sonuçları

Fragmantasyon için Ayvalık Temmuz pedisele 50sn boyunca, Ayvalık Kasım pedisele 40 sn boyunca $ZnCl_2$ uygulanmıştır. Parçalanmanın istenilen uzunlukta olup olmadığı

(450 bç ile 1200 bç) ise RNA çipi (Agilent, Bioanalyzer High Sensitivity) yardımıyla belirlenmiştir. Sonuçlar Şekil 4.4.1 ve Şekil 4.4.2'de verilmiştir.



Şekil 4.4.3 Ayvalık Temmuz pedisel RNA larının Agilent, Biyoanalizör'de ölçülmüş parçalama görüntüsü



Şekil 4.4.4 Ayvalık Kasım pedisel RNA larının Agilent, Biyoanalizör'de ölçülmüş parçalama görüntüsü

4.5 Sentezletilen cDNA oranları

Dizileme için hazırlanan cDNA kütüphanesinin ortalama parça uzunluğu ve örnek konsantrasyonu belirlendikten sonra aşağıdaki formülizasyon ile molekül sayısı (ng/µl) hesaplanmış ve Çizelge 4.5.1'de değerler verilmiştir.

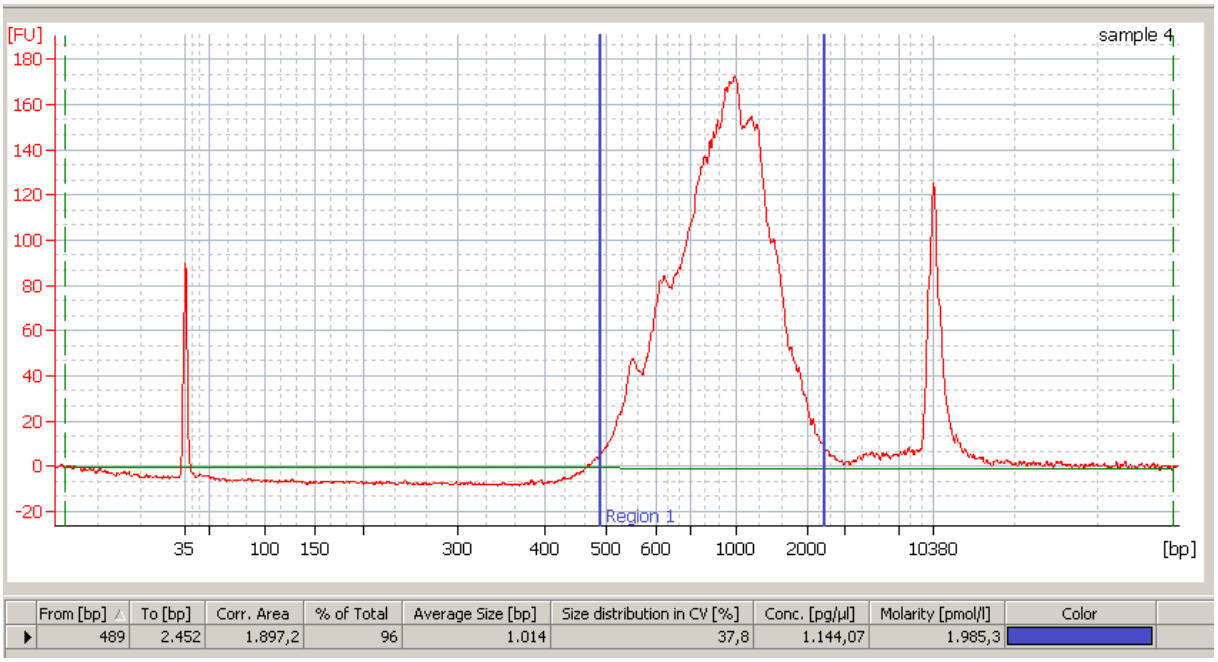
$$\text{Molekül sayısı / µl} = \frac{\text{Örnek konsantrasyonu x } 6{,}022\text{x}10^{23}}{3283\text{x}10^{9} \text{ x Ortalama parça uzunluğu (bp)}}$$

Çizelge 4.5.1 Sentezletilen cDNA oranları

ÖRNEKLER	**OLUŞAN cDNA ORANLARI**
Ayvalık Temmmuz pedisel	$2\ 10^{9}$ molekül
Ayvalık Kasım pedisel	$6{,}26.10^{8}$ molekül

4.6 Hazırlanan cDNA ların Biyoanalizör Sonuçları

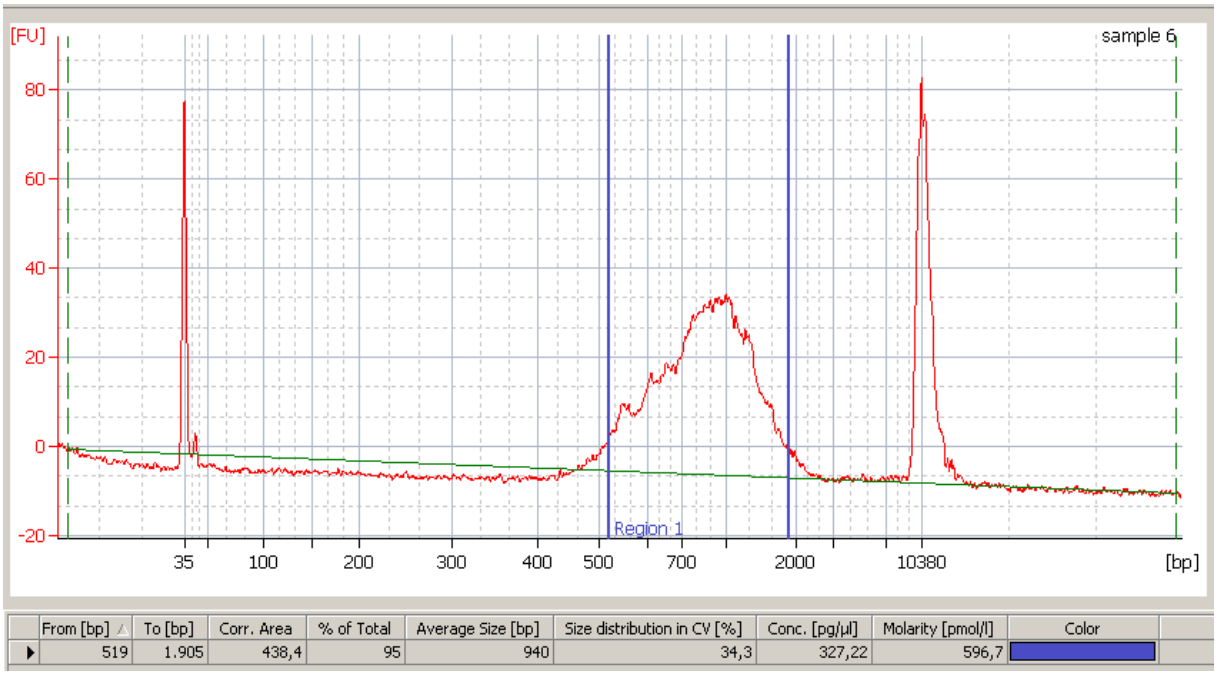
Hazırlanan kütüphanelerin kalite değerlendirmesi için Agilent Bioanalyzer High Sensitivity DNA chip kullanılmıştır. Aşağıda bu analiz ile elde edilen, örneklere ait grafikler bulunmaktadır. Grafiklerde mavi çizgiler arasında kalan pik değeri örneğimize ait, 35 ve 10.380 değerlerinde bulunan pik görüntüleri ise marköre aittir. Bu görüntülerin sonucuna göre Temmuz pedisele ait cDNA ların ortalama uzunluğu 1.014 bç ve konsantrasyonu 1.144,07 pg/ µl olmuştur. Temmuz pedisele ait cDNA sonuçları Şekil 4.6.1'de verilmiştir.



From [bp]	To [bp]	Corr. Area	% of Total	Average Size [bp]	Size distribution in CV [%]	Conc. [pg/µl]	Molarity [pmol/l]	Color
489	2.452	1.897,2	96	1.014	37,8	1.144,07	1.985,3	

Şekil 4.6.3 Ayvalık Temmuz Pedisel cDNA larının biyoanalizör görüntüsü

Kasım pedisele ait cDNA ların ortalama uzunluğu ise 940 bç ve konsantrasyonu 327,22 pg/ µl olarak belirlenmiştir. Şekil 4.6.2'de ise Kasım pedisele ait cDNA sonuçları verilmiştir.



From [bp]	To [bp]	Corr. Area	% of Total	Average Size [bp]	Size distribution in CV [%]	Conc. [pg/µl]	Molarity [pmol/l]	Color
519	1.905	438,4	95	940	34,3	327,22	596,7	

Şekil 4.6.4 Ayvalık Kasım pedisel cDNA larının bioanalyzör görüntüsü

4.7 cDNA ların Sulandırılarak Bölünmesi

Her bir örnek için oluşturulan cDNA kütüphanesinden 40 mikrolitre TE tampon çözeltisi içinde 1.10^8 cDNA olacak şekilde bir çalışma stoku hazırlanmıştır. Bunun için her bir örnekten alınan cDNA miktarı ve TE tampon çözelti miktarı Çizelge 4.7.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.7.1 Çalışma stoğu için hazırlanan örneklerin cDNA ve TE tampon çözeltisi oranı

ÖRNEKLER	NORMALİZASYON İÇİN ALINAN cDNA	NORMALİZASYON İÇİN ALINAN TE
Ayvalık Temmuz Pedisel	2 µl	38 µl
Ayvalık Kasım Pedisel	6,39 µl	33,61 µl

4.8 Emülsiyon Titrasyonunda Kullanılan Test Örnekleri

Klonal olarak çoğalım gösteren kütüphanede yakalama boncuklarını (capture bead) eklemek için en uygun DNA miktarını belirlemede titrasyon işlemi yapılmaktadır. Sekans kalitesini gösteren boncuk zenginleştirilmeleriyle oluşturulan emülsiyon titrasyonu sonucunda belirlenecek olan örnek miktarları, sekans titrasyonunda kullanılmıştır. Titrasyonda kullanılan test örnekleri, alınan miktarı ve boncuk başına düşen hedef molekülü Çizelge 4.8.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.8.1 Emülsiyon titrasyonunda kullanılan test örnekleri

ÖRNEK ADI	ALINAN MİKTAR (µl)	BONCUK BAŞINA DÜŞEN HEDEF MOLEKÜL
Ayvalık Temmuz Pedisel	1	4
Ayvalık Temmuz Pedisel	2	8
Ayvalık Temmuz Pedisel	4	16
Ayvalık Temmuz Pedisel	14	56

4.9 Test Örneklerinin İlk Ölçülen Miktarı ve Toplam Boncuk Yüzdesi

Zenginleşme yapılmadan önce emülsifükasyonu tamamlanan kütüphanenin boncuk yüzdesi aşağıdaki formülle hesaplanmıştır ve değerler Çizelge 4.9.1 de verilmiştir

$$\% \text{ boncuk kurtarma} = \frac{\text{Kurtarılan boncuk sayısı}}{\text{Konulan toplam boncuk sayısı}} \times 100$$

Çizelge 4.9.1 Test örneklerinin ilk ölçülen miktarı ve toplam boncuk yüzdesi

ÖRNEĞİN ADI	MİKTAR(µl)	DEĞER
Ayvalık Temmuz Pedisel	270	$8{,}95 \times 10^5$
Ayvalık Temmuz Pedisel	250	$6{,}28 \times 10^6$
Ayvalık Temmuz Pedisel	260	$5{,}50 \times 10^6$
Ayvalık Temmuz Pedisel	250	$1{,}97 \times 10^6$

4.10 Test Örneklerinin Zenginleştirme Sonucu Ölçülen Miktarı ve Toplam Boncuk Yüzdesi

Zenginleştirme işlemi tamamlanan test örneklerinin boncuk yüzdesi aşağıdaki formülle hesaplanmıştır ve değerler Çizelge 4.10.1'de verilmiştir.

$$\% \text{ boncuk kurtarma} = \frac{\text{Kurtarılan boncuk sayısı}}{\text{Konulan toplam boncuk sayısı}} \times 100$$

Çizelge 4.10.1 Test Örneklerinin zenginleştirme sonucu ölçülen miktarı ve toplam boncuk yüzdesi

ÖRNEĞİN ADI	MİKTAR(µl)	DEĞER
Ayvalık Temmuz Pedisel	140	$2{,}11.10^6$
Ayvalık Temmuz Pedisel	140	$2{,}60.10^6$
Ayvalık Temmuz Pedisel	155	$6{,}07.10^6$
Ayvalık Temmuz Pedisel	163	$6{,}31.10^6$

4.11 Boncuk Başına Düşen Hedef Molekül ve Zenginleşme Yüzdesi

Zenginleştirme öncesi ve sonrası ölçülen değerler aşağıda verilen formüle göre hesaplanarak örnek başına düşen hedef molekül ve zenginleşme yüzdesi Çizelge 4.11.1' de verilmiştir.

$$\% \text{ Zenginleştirilmiş Boncuk} = \frac{\text{Son zenginleştirilmiş boncukların sayısı}}{2 \times 4 \,.\, 10^6 \text{ toplam konulan boncuk sayısı}} \times 100$$

Çizelge 4.11.1 Örneklerin boncuk başına düşen hedef molekül sayısı ve zenginleşme yüzdesi

ÖRNEĞİN ADI	BONCUK BAŞINA DÜŞEN HEDEF MOLEKÜL	ZENGİNLEŞME YÜZDESİ
Ayvalık Temmuz Pedisel	4	11,40%
Ayvalık Temmuz Pedisel	8	14%
Ayvalık Temmuz Pedisel	16	36,2%
Ayvalık Temmuz Pedisel	56	39,6%

4.12 emPZR Klonal Çoğalımında Kullanılacak Örnek Miktarı

Titrasyon sonucu belirlenen emPZR klonal çoğalımında kullanılacak örnek miktarı ve boncuk başına düşen hedef molekül sayısı hesaplanmıştır ve değerler Çizelge 4.12.1' de verilmiştir.

Çizelge 4.12.1 emPZR klonal çoğalımında kullanılacak örnek miktarı

ÖRNEĞİN ADI	KULLANILACAK MİKTAR	BONCUK BAŞINA DÜŞEN HEDEF MOLEKÜL
Ayvalık Temmuz Pedisel	2.7 µl	8
Ayvalık Kasım Pedisel	2.7 µl	8

4.13 Dizileme için kullanılan örneklerin ilk ölçülen miktar ve değerleri

Zenginleşme yapılmadan önce emülsifükasyonu tamamlanan örneklerimizin boncuk yüzdesi şu formülle hesaplanmıştır ve değerler Çizelge 4.15.1 de verilmiştir;

$$\% \text{ boncuk kurtarma} = \frac{\text{Kurtarılan boncuk sayısı}}{\text{Konulan toplam boncuk sayısı}} \times 100$$

Çizelge 4.13.1 Dizileme için kullanılan örneklerin ilk ölçülen miktar ve değerleri

ÖRNEĞİN ADI	MİKTAR(µl)	DEĞER
Ayvalık Temmuz Pedisel	300	$1{,}992.10^{6}$
Ayvalık Kasım Pedisel	285	$1{,}232.10^{7}$

4.14 Dizileme için Kullanılan Örneklerin Zenginleştirme Sonucu Ölçülen Miktar ve Değerleri

Zenginleştirme işlemi tamamlanan test örneklerinin boncuk yüzdesi aşağıdaki formülle hesaplanmıştır ve değerler Çizelge 4.16.1 de verilmiştir.

$$\% \text{ boncuk kurtarma} = \frac{\text{Kurtarılan boncuk sayısı}}{\text{Konulan toplam boncuk sayısı}} \times 100$$

Çizelge 4.14.1 Dizileme için kullanılan örneklerin zenginleştirme sonucu ölçülen miktar ve değerleri

ÖRNEĞİN ADI	MİKTAR(µl)	DEĞER
Ayvalık Temmuz Pedisel	126	$2{,}609.10^{6}$
Ayvalık Kasım Pedisel	130	$2{,}044.10^{6}$

4.15 Dizileme İçin Belirlenen Örnek Miktarları

Sekans titrasyonu sonucu belirlenen, dizileme için kullanılacak örnek miktarı zenginleştrime işlemi sonucu oluşan 10^{7} değerlikli kütüphanelerden alınarak belirlenmiştir ve zenginleşme yüzdesi Çizelge 4.15.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.15.1 Dizileme için belirlenen örnek miktarları

ÖRNEĞİN ADI	ZENGİNLEŞME YÜZDESİ	DİZİLEMEDE KULLANILAN DEĞER (µl)
Ayvalık Temmuz Pedisel	12,6	130,32
Ayvalık Kasım Pedisel	10,2	166,34

4.16 Dizileme Sonuçları

454 GS FLX+ ile yapılan transkriptom dizileme çalışması 24 saat sürmüştür ve cihazdan sonuçlar kullanılabilmesi için sff dosyası şeklinde alınmıştır

4.16.1 Okuma sonuçları

Dizileme için yaklaşık iki milyon boncuk pleyt üzerine yüklenmiştir ve dizileme primeriyle sabitlenen tek sarmallı kalıp DNA üzerine ardışık olarak akan A, C, G, T nükleotitlerinin kalıp DNA dizisine tamamlayıcı olması durumunda ortamda bir ışık oluşmaktadır. Bu ışığı yaratan kemilüminesan sinyalinin hangi nükleotidin bağlanması sırasında oluştuğu tespit edilerek ortaya çıkan CCD kamera tarafından kaydedilmektedir ve bilgisayar program yardımıyla dizi verilerine (flogram) dönüştürülmektedir. Şekil 4.16.1.1 de örneklere ait elde edilen ışıma görüntüsü bulunmaktadır.



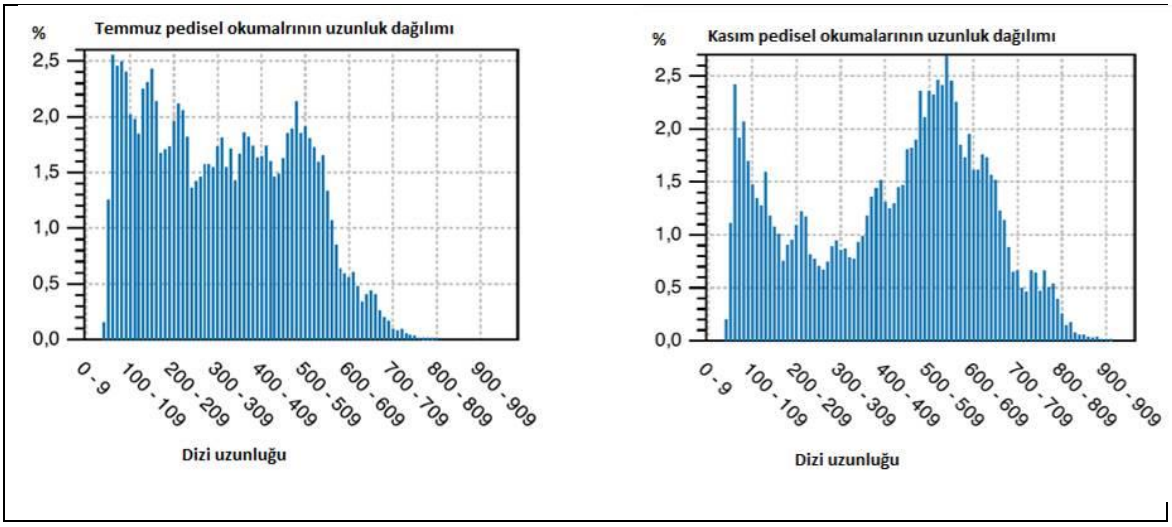
Şekil 4.16. 2 Temmuz (1) ve Kasım pedisel (2) örneklerine ait kemilüminesan sinyalller

Her iki dokuya ait okuma sonuçları Çizelge 4.16.1.1'de belirtildiği gibidir.

Çizelge 4.16.1.1 Dizileme sonuçları

Örneğin Adı	**Toplam Okuma Sayısı**	**Okunan Toplam Baz Sayısı**	**Yüklenen Toplam Boncuk Sayısı**	**Filtreden Geçen Toplam Okuma Sayısı**	**Ortalama Okuma Uzunluğu**	**N50 Değeri**
Temmuz Pedisel	96.614	30.648.620	175.677	167.213	317	428
Kasım Pedisel	68.119	28.649.387	132.824	121.183	421	540

Temmuz ve Kasım Pedisel dokusuna ait okumaların uzunluk dağılımları şekil 4.16.2 de verilmiştir**.**



Şekil 4.16. 3 Roche 454 FLX+ cihazı ile dizilenen Temmuz ve Kasım Pedisel dokusuna ait okumaların uzunluk dağılımı

4.16.2 Okumaların birleştirilmesi

Dizileme çalışması sonucu oluşan okuma parçalarının GS de nova Assembler programında birleştirme sonuçları Çizelge 4.16.2.1 de verilmiştir.

Çizelge 4.16.2.1 Okunan parçaların GS de nova Assembler programında birleştirme sonuçları

Değerlendirilen Sonuçlar	***De novo* assemble Temmuz Pedisel**	***De novo* assemble Kasım Pedisel**	***De novo* toplam değerlendirme**
Hizalanan toplam okuma sayısı	94.894 (% 98,22)	66.676 (%97,88)	160.230 (%97,27)
Hizalanan toplam baz sayısı	30.027.401 (%98,03)	27.960.604 (%97,65)	57.275.293 (%96,64)
Okuma hatası	%1,16 (347.963)	%1,11 (310.969)	%1,24 (711.805)
Birleştirilen okuma sayısı	92.323 (%95,56)	64.519 (%94,72)	144.067 (%87,46)
Parçaların sayısı	2.571 (%2,66)	2.157 (%3,17)	16.163 (%9.81)
Tekil okumaların sayısı	1.081 (%1,12)	614 (%0,90)	1.661 (%1,01)
İzogrupların sayısı	25	28	45

İzotiglerin sayısı	26	33	49
İzotiglerin ortalama uzunluğu	773	776	671
N50 Izotig uzunluğu	1.514	1.049	1.096
En büyük izotig uzunluğu	3.032	2.770	2.810
Büyük kontiglerin sayısı	14	22	29
Büyük kontiglerin baz sayısı	17.698	22.097	27.355
Ortalama kontig uzunluğu	1.264	1.004	943
N50 kontig uzunluğu	1.725	1.101	1.057
Büyük kontig uzunluğu	3.032	2.770	2.810
Toplam kontig sayısı	131	154	841
Toplam baz sayısı	28.327	35.085	56.939

4.16.3 Okumaların GS Mapper programı ile birleştirilmesi

Elde edilen okumalar Uluslararası Genom Konsörsiyumu Kapsamında 4x derinliğinde genom dizilemesi yapılan Ayvalık (*O. europea* L. *cv*. Ayvalık) bitkisinin kendi genomu üzerine GS Mapper programı kullanılarak birleştirilmiştir. Haritalama için kullanılan referans genomun bilgileri Çizelge 4.16.3.1 de verilmiştir.

Çizelge 4.16.3.1 Haritalama için kullanılan referans genomun bilgileri

Değerler	**Ayvalık Genomu**
Toplam dizi sayısı	634.394
Toplam baz sayısı	566.130.699

Haritalama sonucu birleştirilen okuma sonuçları Çizelge 4.16.3.2’ de verilmiştir.

Çizelge 4.16.3.2 Haritalama sonucu oluşan birleştirme değerleri

Değerlendirilen Sonuçlar	Haritalandırma sonucu birleştirilen Temmuz Pedisel	Haritalandırma sonucu birleştirilen Kasım Pedisel	Haritalandırma ile birleştirilen örneklerin toplam değerlendirmesi
Haritalandırılmış okuma sayısı	96.373 (%99,75)	67.889 (%99,66)	164.262 (%99,71)
Haritalandırılmış baz sayısı	28.796.139 (%94,01)	25.868.094 (%90,34)	54.669.229 (%92,25)
Okuma hatası	%5,50 (1.584.430)	%6,63 (1.714.298)	%6,05 (3.308.276)
Tamamıyla haritalandırma	61.198 (%63,34)	30.176 (44,30)	91.411 (%55,49)
Parçalı olarak haritalandırılanlar	18.850 (%19,51)	17.402 (%25,55)	36.215 (%21,98)
Haritalama olmayanlar	100 (%0,10)	103 (%0,15)	203 (%0,12)
Büyük kontig sayısı	94	85	127
Büyük kontiglerin baz sayısı	68.981	60.230	89.167
Ortalama kontig uzunluğu	733	708	702
N50 kontig uzunluğu	704	682	658
En büyük kontig uzunluğu	2.956	1.946	2.956
kontiglerin sayısı	854	501	1161
Bazların sayısı	251.467	163.653	337.840

4.17 Biyoinformatik analiz sonuçları

Ubuntu BIYOLINUX 8 yazılımında bulunan blast analizleri sonucu Temmuz ve Kasım pedisel dokularında ifade edilen genlerin karakterizasyonu belirlenmiştir.

4.17.1 Temmuz ve Kasım kütüphanelerinde ortak ifade edilen genler

Temmuz ve kasım kütüphanelerinde ifade edilen genlerin sayısı ayrı ayrı her bir kütüphaneye ait toplam gen sayısına bölünerek, o kütüphaneye ait okuma yüzdeleri belirlenmiştir. Belirlenen bu genlerin temmuz pedisel dokusunda ifade edilen yüzdesi kasım kütüphanesinde ifade edilen yüzdeye oranlanarak o genin Temmuz pedisel dokusundaki kat artışı bulunmuştur. Aynı şekilde ortak ifade edildiği düşünülen bu genlerin Kasım pedisel dokusundaki ifade yüzdesi, temmuz pedisel dokusundaki ifade yüzdesine oranlanarak o genin kasım pedisel dokusundaki kat artışı bulunmuştur. Çizelge 4.17.1.1 de bu genler ve her iki kütüphanenin diğer kütüphaneye kıyasla kat olarak artışları verilmiştir.

Çizelge 4.17.1.1 Temmuz ve Kasım pedisel dokularında ortak ifade edilen genler ve bu dokuların birbirine kıyasla belirlenen kat artışları

ORTAK GENLER	**Temmuz / Kasım**	**Kasım / Temmuz**
ribulose-1,5-bisph (rbcL)	4,5	0,2
psbA	1,5	0,7
atp1	0,9	1,1
atpA	1,2	0,9
cytochrome C	3,2	0,3
cox1	1,4	0,7
nad5	1,0	1,0
psbC	1,4	0,7
psbE	1,3	0,8
atpB	93,9	0,0
psbD	2,7	0,4
atpH	0,3	3,0
nad2	1,5	0,7
nad6	0,7	1,4
psaB	0,9	1,2
lyrata	0,9	1,1

chlorophyll a-b binding protein	1,9	0,5
nad1	15,2	0,1
petB	1,5	0,6
petD	1,3	0,8
PsaA-psbB	2,0	0,5
ATP synthase alpha	0,4	2,3
photosystem II protein D1 gene,	1,5	0,7
matR	1,3	0,8
Drought-stressed leaves	2,6	0,4
atp9	0,3	4,0
NADH-ubiquinone oxidoreductase chain	1,1	0,9
QB protein	1,4	0,7
thylakoid membrane protein	1,3	0,8
senescence-associated protein gene	0,5	1,8
mt67326	2,2	0,5
ccmC	0,2	4,9
homing endonuclease	1,0	1,0
cytochrome P450 like_TBP,	0,8	1,3
AOMI 1	0,9	1,1
ATPase synthase subunit 1	1,0	1,0
F1-ATPase alpha-subunit	1,7	0,6
ATP synthase subunit b	0,4	2,3
geranyl diphosphate synthase small subunit	0,7	1,5
Histone H2A	0,3	3,0
qpt2	2,7	0,4
sdh3	0,1	6,8
TAR1-like	0,3	3,5
ACR toxin-sensitivity inducing	1,3	0,8
ATP synthase subunit beta	0,7	1,5
CCMP1545 predicted protein	0,4	2,3
cysteine proteinase	0,1	7,5
ftrbpot gene	0,7	1,5
NADH-ubiquinone/plastoquinone	0,7	1,5
nucleoside diphosphate kinase 2	0,7	1,5
photosystem I P700 chlorophyll A apoprotein A2 mRNA,	0,7	1,5
metallothionein-like protein	0,0	0
nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase	0,0	0
TIP2-1	0,0	0
Transport protein Sec24-like At4g32640	0,0	0
hypothetical protein	1,1	0,9

4.17.2 Temmuz pedisel dokusunda farklı ifade edilen genler

Temmuz pedisel dokusunda farklı ifade edilen kontigler belirlenmiştir. Bunun için Kasım okumalarında haritalandırılarak oluşturulan kontigler ubuntu BIYOLINUX 8 versiyonunda bulunan makeblastdbblast programı ile veritabanına dönüştürülmüş, Temmuz okumalarından haritalandırma sonucu oluşturulan kontigler bu veritabanı üzerine e-value -10 parametresine göre blastn yapılmıştır. Benzerlik gösteren kontigler toplam Temmuz pedisel dokusuna ait kontiglerden Windows Microsoft Access veritabanı kullanılarak çıkartılmış, böylece Temmuz da farklı ifade olunan genlere ait kontigler belirlenmiştir. Bu kontigler tekrar NCBI'dan (**ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/**) indirilen ve ubuntu BIOLINUX 8 versiyonunda bulunan makeblastdb programı yardımıyla veritabanı formatına dönüştürülen tüm nükleotit (nt.gz 25 07 2015 19:35:00) bilgisi üzerine blastlanmıştır. Oluşan sonuç dosyasında NCBI da bulunan genlerle benzerlik gösteren genlerin GI numaraları internette NCBI'da **http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez** bulunan çoklu arama motoru yardımıyla taranmış ve kimlikleri belirlenmiştir. Daha sonra belirlenen her bir gen ayrı ayrı her iki kütüphaneye ait gen bilgisini içeren exel dosyasında saydırılmış ve kütüphanelerin toplam gen sayısına bölünerek, o gene ait ifade yüzdesi ortaya konulmuştur. Her bir gene ait ifade yüzdesi kütüphaneler içinde oranlanarak (aynı genin Temmuz pedisel dokusunda ifade yüzdesi Kasımda ifade edilen yüzdesine oranlanmış, Kasım'da ifade edilen yüzdesi ise Temmuz'daki ifade yüzdesine oranlanmış) kütüphaneler arasında ifade edilen genlerin kat farkı belirlenmiştir. Çizelge 4.17.2.1'de bu genler ve her iki kütüphaneye ait ifade sayısı ve kat farkı verilmiştir.

Çizelge 4.17.2.1 Temmuz pedisel dokusunda farklı ifade edilen genler

GEN ADI	**% temmuz**	**% kasım**	**Temmuz / Kasım**	**Kasm / Temmuz**
26S	18,390	0,022	0,7	1,5
Ribosomal RNA	4,416	0,005	0,1	13,0
nad	4,364	0,005	1,3	0,8
rRNA	3,840	0,005	0,7	1,4
intergenic spacer	3,617	0,004	1,6	0,6
t RNA	3,600	0,004	1,3	0,8
rbcL	2,484	0,003	4,8	0,2

cox	1,524	0,002	1,8	0,6
atp1	0,767	0,001	0,9	1,1
ATPase	0,684	0,001	1,2	0,8
psbB	0,680	0,001	23,6	0,0
nad5	0,611	0,001	1,0	1,0
actin	0,562	0,001	1,6	0,6
psbH	0,524	0,001	54,5	0,0
RpoB/ RpoC1	0,512	0,001	38,7	0,0
nad4	0,442	0,001	16,7	0,1
psbC	0,407	0,000	1,4	0,7
hypothetical protein	0,348	0,000	1,1	0,9
RNA polymerase	0,337	0,000	31,1	0,0
psbD	0,317	0,000	2,7	0,4
nad2	0,228	0,000	1,5	0,7
atp6	0,220	0,000	20,4	0,0
ccmB	0,209	0,000	174,3	0,0
chloroplast photosystem I P700 apoprotein A2 / psaB	0,209	0,000	0,9	1,2
ndhD	0,208	0,000	0	0,0
microsatellite	0,200	0,000	0,7	1,4
tubulin	0,184	0,000	21,9	0,0
PsaA	0,180	0,000	3,4	0,3
psaA	0,180	0,000	3,4	0,3
unknown	0,155	0,000	1,2	0,8
orf	0,150	0,000	1,8	0,5
nad9	0,140	0,000	14,6	0,1
ubiquitin	0,138	0,000	0,4	2,8
chloropyll a/b binding	0,115	0,000	1,8	0,6
psbK	0,103	0,000	8,6	0,1
heat shock protein	0,084	0,000	0	0,0
chlorophyll a-b binding protein	0,082	0,000	1,9	0,5
pıp/ plasma membrane intrinsic protein	0,080	0,000	13,3	0,1
nad1	0,073	0,000	15,2	0,1
polyubiquitin	0,072	0,000	0,4	2,8
aquaporin	0,068	0,000	9,4	0,1
atp8	0,058	0,000	2,8	0,4
maturase	0,053	0,000	22,2	0,0
mttB	0,049	0,000	40,4	0,0
Transport membrane protein	0,045	0,000	37,1	0,0
14-3-3 protein mRNA	0,038	0,000	31,8	0,0
nad7	0,035	0,000	29,2	0,0
tubulin beta chain	0,029	0,000	0	0,0
trans-cinnamate 4-monooxygenase	0,025	0,000	0	0,0

translation factor	0,025	0,000	2,7	0,4
NADH-ubiquinone oxidoreductase	0,025	0,000	1,3	0,8
translation factor SUI 1	0,023	0,000	2,4	0,4
translation factor SUI1 homolog	0,021	0,000	2,2	0,4
acyl	0,021	0,000	0	0,0
adenylate kinase	0,021	0,000	0	0,0
beta amylase gene	0,018	0,000	0	0,0
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase	0,018	0,000	0	0,0
tubulin beta-2	0,018	0,000	0	0,0
palmitoyl-acyl carrier protein thioesterase	0,018	0,000	0	0,0
c4h / cinnamate 4-hydroxylase	0,017	0,000	0	0,0
mitochondrial nad4	0,017	0,000	0	0,0
elongation factor	0,016	0,000	0	0,0
glutamine synthetase	0,016	0,000	0	0,0
drought stressed	0,015	0,000	0	0,0
amylase	0,015	0,000	0	0,0
clathrin heavy chain	0,014	0,000	0	0,0
ethylene insensitive 3	0,014	0,000	0	0,0
actin	0,013	0,000	0	0,0
Oxygen-evolving	0,013	0,000	0	0,0
transport protein Sec61 subunit alpha	0,011	0,000	0	0,0
cyclin-dependent kinase	0,010	0,000	0	0,0
leucine-rich repeat receptor-like protein kinase	0,010	0,000	0	0,0
processing enzyme	0,010	0,000	0	0,0
auxin efflux carrier component	0,010	0,000	0	0,0
F-box/LRR-repeat	0,010	0,000	0	0,0
beta tubulin	0,009	0,000	0	0,0
ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH	0,008	0,000	0	0,0
DA1-related 1-like	0,008	0,000	0	0,0
GDP-L-galactose phosphorylase	0,008	0,000	0	0,0
protein DA1-related 1-like	0,008	0,000	0	0,0
sugar phosphate/phosphate translocator	0,008	0,000	0	0,0
vacuolar processing enzyme	0,008	0,000	0	0,0
GS	0,007	0,000	0	0,0
auxin-induced protein	0,007	0,000	0	0,0
phosphatase	0,007	0,000	0,5	1,8
aldo-keto reductase / AKR	0,006	0,000	0	0,0
beta tubulin	0,006	0,000	0	0,0
fructose-bisphosphate aldolase	0,006	0,000	0,4	2,3
ornithine carbamoyltransferase	0,006	0,000	0	0,0
topless-related protein 3	0,006	0,000	0	0,0
translation initiation factor	0,006	0,000	1,8	0,6
tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-	0,006	0,000	0	0,0

monooxygenase activation protein				
beta-glucosidase	0,006	0,000	0	0,0
beta-glucosidase	0,006	0,000	0	0,0
psbO	0,006	0,000	0	0,0
triose phosphate/phosphate translocator	0,006	0,000	0	0,0
mtt2	0,005	0,000	0	0,0
hydroxymethylbutenyl diphosphate reductase/ HDR	0,005	0,000	0	0,0
hydroxymethylglutaryl-CoA synthase	0,005	0,000	0	0,0
pın	0,005	0,000	4,0	0,3
oxygen-evolving complex	0,004	0,000	0	0,0
AadA (aadA) and aprotinin precursor	0,004	0,000	0	0,0
adenine nucleotide transporter ADNT1	0,004	0,000	0	0,0
ATP-citrate synthase alpha chain	0,004	0,000	0	0,0
helicase senataxin	0,004	0,000	0	0,0
peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	0,004	0,000	0	0,0
acyl-acylcarrier protein thioesterase B	0,003	0,000	0	0,0
glycosyl hydrolase	0,003	0,000	0	0,0
bromo adjacent homology domain-containing 1 protein	0,003	0,000	0	0,0
cinnamic acid 4-hydroxylase	0,003	0,000	0	0,0
EIL	0,003	0,000	0	0,0
EIN3-like family protein	0,003	0,000	0	0,0
eukaryotic initiation factor 4A-15-like	0,003	0,000	0	0,0
translation initiation factor 3 subunit C-like	0,003	0,000	0	0,0
glucan endo-1,3-beta-glucosidase 5	0,003	0,000	0	0,0
LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase	0,003	0,000	0	0,0
MIP	0,003	0,000	0	0,0
photosystem II D2 protein-like	0,003	0,000	0	0,0
V-type proton ATPase	0,003	0,000	0,2	5,7
Villin-4	0,003	0,000	0	0,0
3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase	0,002	0,000	0	0,0
abc type heme transporter subunit	0,002	0,000	2,0	0,5
alcohol dehydrogenase	0,002	0,000	0	0,0
bifunctional dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase/dTDP-4-dehydrorhamnose reductase	0,002	0,000	0	0,0
ccmFC	0,002	0,000	0	0,0
cyclophilin/ cyp	0,002	0,000	0	0,0
dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase/dTDP-4-dehydrorhamnose reductase	0,002	0,000	0	0,0
formamidase	0,002	0,000	0	0,0

histidinol-phosphate aminotransferase	0,002	0,000	0	0,0
methionine gamma-lyase	0,002	0,000	0	0,0
peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase	0,002	0,000	0	0,0
phosphomevalonate kinase	0,002	0,000	0	0,0
polypeptide of oxygen-evolving complex	0,002	0,000	0	0,0
SFN/ stratifin	0,002	0,000	0	0,0
stress-associated protein	0,002	0,000	0	0,0
telomere repeat-binding protein 3-like	0,002	0,000	0	0,0
beta amylase gene	0,002	0,000	0	0,0
2-hydroxyisoflavanone dehydratase-like	0,002	0,000	0	0,0
ABC transporter B family member 5-like	0,002	0,000	0	0,0
ABC transporter CcbB	0,002	0,000	0	0,0
ALDH1	0,002	0,000	0	0,0
aldose reductase	0,002	0,000	0	0,0
amino acid permease 3-like	0,002	0,000	0	0,0
aminopeptidase M1	0,002	0,000	0	0,0
argonaute	0,002	0,000	0	0,0
CDPK-related kinase 5	0,002	0,000	0	0,0
class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	0,002	0,000	0	0,0
cysteine protease	0,002	0,000	0	0,0
DNA damage response protein WSS1-like	0,002	0,000	0	0,0
ethylene-responsive transcription factor	0,002	0,000	0	0,0
eukaryotic initiation factor 4A-9-like	0,002	0,000	0	0,0
eukaryotic initiation factor 4A-8-like	0,002	0,000	0	0,0
translation elongation factor 1B alpha-subunit	0,002	0,000	0	0,0
extended synaptotagmin	0,002	0,000	0	0,0
GF14D	0,002	0,000	0	0,0
glutamine synthetase leaf isozyme	0,002	0,000	0	0,0
glutamine synthetase nodule isozyme-like	0,002	0,000	0	0,0
GOS2	0,002	0,000	0	0,0
HMBPPR/ 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	0,002	0,000	0	0,0
HMG CoA reductase	0,002	0,000	0	0,0
inorganic phosphate transporter 1-9	0,002	0,000	0	0,0
L-ascorbate peroxidase 6	0,002	0,000	0	0,0
light harvesting protein 1	0,002	0,000	0	0,0
glycosyl hydrolase family 9 protein	0,002	0,000	0	0,0
Malate dehydrogenase	0,002	0,000	0	0,0
manganese stabilizing protein	0,002	0,000	0	0,0
Methyl esterase	0,002	0,000	0	0,0
mitotic checkpoint protein BUB3.1	0,002	0,000	0	0,0
O-succinylhomoserine sulfhydrylase	0,002	0,000	0	0,0

pyridoxal biosynthesis protein PDX1	0,002	0,000	0	0,0
receptor-like protein kinase FERONIA	0,002	0,000	0	0,0
salicylic acid-binding protein	0,002	0,000	0	0,0
Sec-independent protein translocase protein	0,002	0,000	0	0,0
SKP1-like protein	0,002	0,000	0	0,0
sugar transporter family protein	0,002	0,000	0	0,0
thiol protease aleurain-like	0,002	0,000	0	0,0
transcription factor TCP20-like	0,002	0,000	0	0,0
eIF4A	0,001	0,000	0	0,0
10-hydroxygeraniol oxidoreductase	0,001	0,000	0	0,0
ACP thioesterase preprotein	0,001	0,000	0	0,0
acetyl-CoA carboxylase beta-CT subunit gene	0,001	0,000	0	0,0
acyl ACP-thioesterase	0,001	0,000	0	0,0
acyl-ACP thioesterase B	0,001	0,000	0	0,0
alanine and asparagine-rich protein-like	0,001	0,000	0	0,0
Alpha-1,4 glucan phosphorylase L-2 isozyme	0,001	0,000	0	0,0
alpha-mannosidase 2x	0,001	0,000	0	0,0
amino acid permease 4	0,001	0,000	0	0,0
ankyrin repeat and protein kinase domain-containing protein 1-like	0,001	0,000	0	0,0
ATP-citrate lyase	0,001	0,000	0	0,0
auxin efflux facilitator SlPIN1	0,001	0,000	0	0,0
auxin resistant	0,001	0,000	0	0,0
Bmh2-like protein	0,001	0,000	0	0,0
C2 domain-containing family protein	0,001	0,000	0	0,0
carboxylesterase	0,001	0,000	0	0,0
chloroplast oxygen-evolving enhancer protein 1 precursor	0,001	0,000	0	0,0
cinnamoyl-CoA reductase 1-like	0,001	0,000	0	0,0
coronatine insensitive	0,001	0,000	0	0,0
cytosolic glutamine synthetase	0,001	0,000	0	0,0
diaphanous homolog 1-like	0,001	0,000	0	0,0
disease resistance RPP13-like protein 1-like	0,001	0,000	0	0,0
DNA damage checkpoint protein rad24	0,001	0,000	0	0,0
EaPIP1,1 gen	0,001	0,000	0	0,0
ecdysoneless homolog	0,001	0,000	0	0,0
eIF4A	0,001	0,000	0	0,0
Endoglucanase	0,001	0,000	0	0,0
enhancer of mRNA-decapping protein 4-like	0,001	0,000	0	0,0
ethylene-responsive transcription factor ERF098-like	0,001	0,000	0	0,0
ferredoxin, root R-B1-like	0,001	0,000	0	0,0
Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase	0,001	0,000	0	0,0
G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-	0,001	0,000	0	0,0

protein kinase				
gamma-tubulin	0,001	0,000	0	10,6
GF14 protein (GRF)	0,001	0,000	0	0,0
Glucanase like protein	0,001	0,000	0	0,0
glycolate oxidase-like FMN-binding domain	0,001	0,000	0	0,0
glycosyl hydrolase 9B14 mRNA	0,001	0,000	0	0,0
GMP synthase	0,001	0,000	0	0,0
haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein	0,001	0,000	0	0,0
helicase SEN1-like	0,001	0,000	0	0,0
HMGR1/ 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase	0,001	0,000	0	0,0
hydrophobic protein	0,001	0,000	0	0,0
initiation factor 4A-13	0,001	0,000	0	0,0
initiation factor SUI1 family protein	0,001	0,000	0	0,0
intrinsic protein 1B	0,001	0,000	0	0,0
Kar2 protein	0,001	0,000	0	0,0
kinase family protein	0,001	0,000	0	0
major pollen allergen Lol p 11-like	0,001	0,000	0	0,0
molybdate transporter 2	0,001	0,000	0	0,0
non-specific phospholipase C1-like	0,001	0,000	0	0,0
Nt14-3-3omega1 gene for 14-3-3 protein	0,001	0,000	0	0,0
O2 evolving complex	0,001	0,000	0	0,0
OSK35 gene for SnRK1b protein kinase,	0,001	0,000	0	0,0
palmitoyl/oleoyl specific acyl-acyl carrier protein thioesterase precursor	0,001	0,000	0	0,0
pectinesterase/pectinesterase inhibitor 20	0,001	0,000	0	0,0
peptide/nitrate transporter	0,001	0,000	0	0,0
Phosphatidylinositol 4-kinase type 2-beta	0,001	0,000	0	0,0
PIN1-like auxin	0,001	0,000	0	0,0
plastidic aldolase mRNA	0,001	0,000	0	0,0
proteasome subunit beta type-5-like	0,001	0,000	0	0,0
protein OBERON 4	0,001	0,000	0	0,0
PTR3 mRNA for pterocarpan reductase	0,001	0,000	0	0,0
puromycin-sensitive aminopeptidase-like	0,001	0,000	0	0,0
rac gtpase	0,001	0,000	0	0,0
rac-like GTP-binding protein 3-like	0,001	0,000	0	0,0
shaggy-related protein kinase eta-like	0,001	0,000	0	0,0
SoAc1	0,001	0,000	0	0,0
SPX domain-containing protein	0,001	0,000	0	0,0
stearoyl/oleoyl specific acyl-acyl carrier protein thioesterase precursor	0,001	0,000	0	0,0
td8ITM1 protein	0,001	0,000	0	0,0
tetraubiquitin	0,001	0,000	0,7	1,5

thimet oligopeptidase-like	0,001	0,000	0	0,0
transcription factor bHLH66	0,001	0,000	0	0,0
transcription factor HY5	0,001	0,000	0	0,0
transcription factor TCP14	0,001	0,000	0	0,0
Transport protein SFT2	0,001	0,000	0	0,0
V-type proton ATPase catalytic subunit A	0,001	0,000	0	0,0
wall-associated receptor kinase 2-like	0,001	0,000	0	0,0
water channel protein MipC mRNA	0,001	0,000	0	0,0
WRKY transcription factor 51-like	0,001	0,000	0	0,0
xyloglucan: xyloglucosyl transferase	0,001	0,000	0	0,0

4.17.3 Kasım pedisel dokusunda farklı ifade edilen genler

Kasım pedisel dokusunda farklı ifade edilen kontigler belirlenmiştir. Bunun için Temmuz okumalarında haritalandırılarak oluşturulan kontigler ubuntu BIYOLINUX 8 versiyonunda bulunan makeblastdb programı ile veritabanına dönüştürülmüş, Kasım okumalarından haritalandırma sonucu oluşturulan kontigler bu veritabanı üzerine e-value -10 parametresine göre blastn yapılmıştır. Benzerlik gösteren kontigler, toplam Kasım pedisel dokusuna ait kontiglerden Windows Microsoft Access veritabanı kullanılarak çıkartılmış, böylece Kasım pedisel dokusunda farklı ifade olunan genlere ait kontigler belirlenmiştir. Bu kontigler tekrar NCBI'dan **(**ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/db/FASTA/) indirilen ve ubuntu BIYOLINUX 8 versiyonunda bulunan blast programı yardımıyla veritabanı formatına dönüştürülen tüm nükleotit (nt.gz 25 07 2015 19:35:00) bilgisi üzerine blastlanmıştır. Oluşan sonuç dosyasında NCBI da bulunan genlerle benzerlik gösteren genlerin GI numaraları internette NCBI'da http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez bulunan çoklu arama motoru yardımıyla taranmış ve kimlikleri belirlenmiştir. Daha sonra belirlenen her bir gen ayrı ayrı her iki kütüphaneye ait gen bilgisini içeren exel dosyasında saydırılmış ve kütüphanelerin toplam gen sayısına bölünerek, o gene ait ifade yüzdesi ortaya konulmuştur. Her bir gene ait ifade yüzdesi kütüphaneler içinde oranlanarak (aynı genin Temmuz pedisel dokusunda ifade yüzdesi Kasım'da ifade edilen yüzdesine oranlanmış, Kasım'da ifade edilen yüzdesi ise Temmuz'daki ifade yüzdesine oranlanmış) kütüphaneler arasında ifade edilen genlerin kat farkı belirlenmiştir. Çizelge 4.1.3.1'de bu genler ve her iki kütüphaneye ait ifade sayısı ve kat farkı verilmiştir.

Çizelge 4.17.3. 1 Kasım pedisel dokusunda farklı ifade edilen genler

GEN ADI	**% kasım**	**% temmuz**	**Kasım/ Temmuz**	**Temmuz/ Kasım**
rRNA	5,247	0,004	1,4	0,7
nad	3,434	0,003	0,8	1,3
Trna	2,829	0,002	0,8	1,3
atp	2,298	0,002	1,1	0,9
cox	0,859	0,001	0,6	1,8
atp1	0,835	0,001	1,1	0,9
atpA	0,633	0,001	0,9	1,2
nad5	0,598	0,000	1,0	1,0
ATPase	0,579	0,000	0,8	1,2
Ubiquitin	0,389	0,000	2,8	0,4
atpF	0,360	0,000	32,3	0,0
hypothetical protein	0,317	0,000	0,9	1,1
atpI-atpH	0,255	0,000	1,5	0,7
psaB	0,244	0,000	1,2	0,9
nad2	0,156	0,000	0,7	1,5
ycf3	0,133	0,000	4,1	0,2
atp9	0,126	0,000	4,0	0,3
clp protease proteolytic	0,103	0,000	129,8	0,0
petA	0,088	0,000	0	0,0
MYB	0,062	0,000	7,8	0,1
ADP-ribosylation factor	0,047	0,000	0	0,0
sdh4	0,047	0,000	2,1	0,5
ccmC	0,047	0,000	4,9	0,2
allergen	0,043	0,000	27,2	0,0
cytochrome c biogenesis C	0,043	0,000	2,1	0,5
carboxykinase	0,040	0,000	0	0,0
glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	0,040	0,000	0	0,0
phosphoenolpyruvate carboxykinase	0,040	0,000	0	0,0
psaA-psbB	0,028	0,000	0,5	2,0
serine hydroxymethyltransferase	0,026	0,000	0	0,0
hypersensitive induced reaction / response	0,025	0,000	0	0,0
ABC transporter B family	0,023	0,000	14,3	0,1
sdh3	0,022	0,000	6,8	0,1
NADH-ubiquinone oxidoreductase	0,019	0,000	0,8	1,3
inorganic pyrophosphatase	0,018	0,000	0	0,0
V-type proton ATPase	0,018	0,000	5,7	0,2
fructose bisphosphate aldolase	0,017	0,000	2,6	0,4
soluble inorganic pyrophosphatase	0,014	0,000	0	0,0

beta-1,4-xylosyltransferase	0,012	0,000	0	0,0
metallothionein	0,012	0,000	5,0	0,2
severe drought-stressed leaves	0,010	0,000	0,5	2,1
translation factor SUI1 homolog	0,010	0,000	0,4	2,2
arginine decarboxylase	0,008	0,000	0	0,0
gamma-tubulin	0,008	0,000	10,6	0,1
isopentenyl pyrophosphate isomerase	0,008	0,000	0	0,0
aquaporin	0,007	0,000	0,1	9,4
H+-ATPase proteolipid	0,007	0,000	9,1	0,1
alpha-galactosidase	0,006	0,000	0	0,0
cysteine proteinase	0,006	0,000	7,5	0,1
glucuronosyltransferase	0,006	0,000	0	0,0
isopentenyl diphosphate isomerase	0,006	0,000	0	0,0
ABC transporter G family	0,005	0,000	0	0,0
Apocytochrome f	0,005	0,000	6,0	0,2
carnitine/acylcarnitine carrier-like	0,005	0,000	0	0,0
Hyaluronan / mRNA binding family isoform 1	0,005	0,000	0	0,0
mild drought-stressed leaves	0,005	0,000	0,3	3,6
mixed amyrin synthase	0,005	0,000	1,5	0,7
polyol transporter 5-like	0,005	0,000	0	0,0
thioredoxin-like 2	0,005	0,000	0	0,0
trehalase	0,005	0,000	0	0,0
adenosine triphosphatase	0,004	0,000	2,3	0,4
beta-amyrin	0,004	0,000	0	0,0
Calcium-dependent lipid-binding	0,004	0,000	0	0,0
FAS-associated factor	0,004	0,000	0	0,0
F-box protein SKIP16	0,004	0,000	0	0,0
glutaredoxin	0,004	0,000	0	0,0
pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	0,004	0,000	0	0,0
sorbitol transporter	0,004	0,000	0	0,0
translation initiation factor	0,004	0,000	0,6	1,8
c subunit of V-type ATPase	0,002	0,000	0	0,0
chlorophyll a-b binding protein P4	0,002	0,000	0	0,0
cycloartenol Synthase	0,002	0,000	0	0,0
flavanone 3-hydroxylase	0,002	0,000	3,0	0,3
maturase	0,002	0,000	0,0	22,2
Melibiase family protein	0,002	0,000	0	0,0
S-acyltransferase 14	0,002	0,000	0	0,0
UBX domain-containing protein	0,002	0,000	0	0,0
vacuolar proton-inorganic pyrophosphatase	0,002	0,000	0	0,0

abc type heme transporter	0,001	0,000	1,5	0,7
acyl-coenzyme A thioesterase 8	0,001	0,000	0	0,0
aspartic proteinase nepenthesin	0,001	0,000	0	0,0
B2 protein-like	0,001	0,000	0	0,0
Ca2+ antiporter cation exchange	0,001	0,000	0	0,0
cytosolic aldolase	0,001	0,000	0	0,0
cytosolic fructose-bisphosphate aldolase	0,001	0,000	0	0,0
deSI-like protein	0,001	0,000	0	0,0
disease resistance response protein 206	0,001	0,000	0	0,0
H99 CAMK protein kinase mRNA	0,001	0,000	0	0,0
hydrolase 10-like	0,001	0,000	0	0,0
isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase	0,001	0,000	0	0,0
naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase-like	0,001	0,000	0	0,0
neutral ceramidase-like	0,001	0,000	0	0,0
ODORANT1-like	0,001	0,000	0	0,0
orosomucoid 1	0,001	0,000	0	0,0
P-glycoprotein 21	0,001	0,000	0	0,0
polyol transporter 1	0,001	0,000	0	0,0
purine permease	0,001	0,000	0	0,0
RAX2	0,001	0,000	0	0,0
RggB	0,001	0,000	0	0,0
RggC	0,001	0,000	0	0,0
succinate dehydrogenase cytochrome	0,001	0,000	0	0,0
thermoinhibition-associated THB-4 protein	0,001	0,000	0	0,0
transcription factor RAX1-like	0,001	0,000	0	0,0
transcriptional adapter ADA2b	0,001	0,000	0	0,0
vacuolar protein sorting-associated protein	0,001	0,000	0	0,0
vacuolar proton pyrophosphatase	0,001	0,000	0	0,0

4.17.4 RPKM sonucu

CLC Genomics Workbench yazılımı aracılığıyla belirlenen ve sadece Temmuz kütüphanesinde ifade değeri olan transkritler Çizelge 4.17.4.1 de verilmiştir.

Çizelge 4.17.4. 1 Sadece Temmuz kütüphanesinde ifade değeri olan transkriptlerin RPKM değerleri

GEN ADI	**TEMMUZ RPKM SONUCU**	**KASIM RPKM SONUCU**	**TEMMUZ/ KASIM SONUCU**
hypothetical protein	242,8779915	0	0
everse transcriptase	151,2899221	0	0
reverse transcriptase, partial	126,3248795	0	0
hypothetical protein	101,9516087	0	0
pre-mRNA-processing factor 19	95,86157895	0	0
hypothetical protein	92,98161735	0	0
Gag-protease-integrase-RT-RNaseH polyprotein	90,83738718	0	0
hypothetical protein	80,68795844	0	0
ORF V protein	71,0318585	0	0
pentatricopeptide repeat-containing protein At5g42310, mitochondrial-like isoform X2	65,38646934	0	0
MuDRA-like transposase	65,3535953	0	0
glycosyl transferase, group 1	63,9077193	0	0
hypothetical protein	63,25464771	0	0
L-ribulokinase	63,16243977	0	0
putative polyprotein	62,16561504	0	0
hypothetical protein	61,0703787	0	0
acetylcholine receptor subunit alpha-like 2, partial	59,7922268	0	0
retrotransposon protein, putative, Ty1-copia subclass	58,87151316	0	0
pol polyprotein, partial	57,51694737	0	0
hypothetical protein	56,12620944	0	0
retrotransposon protein	54,84738441	0	0
late blight resistance protein R1-A-like	53,09979618	0	0
hypothetical protein AMTR_s03469p00001530	52,20413697	0	0
beta-ketoacyl synthase family protein,phosphopantetheine-containing protein	49,35015226	0	0
CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 14	49,12634205	0	0
hypothetical protein	49,12634205	0	0
alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase alkB homolog 7, mitochondrial isoform X1	46,99504738	0	0
hypothetical protein	45,70615368	0	0
hypothetical protein	45,22905395	0	0
hypothetical protein	44,85448622	0	0

B3 domain-containing transcription factor VRN1-like	43,41626622	0	0
lipoxygenase 1	43,11386436	0	0
type I RM modification enzyme	38,89536237	0	0
hypothetical protein	36,71985905	0	0
VHS domain-containing protein At3g16270-like	36,28930794	0	0
hypothetical protein AALP_AA3G280900	35,34211557	0	0
protein TRANSPARENT TESTA 12	34,77482639	0	0
heavy metal-associated isoprenylated plant protein 26-like	34,7469396	0	0
oligopeptide transporter 3-like	34,58975547	0	0
retroelement precursor	34,25251675	0	0
protein notum homolog	33,85112007	0	0
hypothetical protein	33,3303336	0	0
hypothetical protein	32,97521589	0	0
trigalactosyldiacylglycerol 2	31,35270165	0	0
pentatricopeptide repeat	30,68656777	0	0
hypothetical protein	30,42797309	0	0
hypothetical protein	30,41942831	0	0
pyrophosphate-energized membrane proton pump 3	29,75922643	0	0
lectin receptor kinase	28,96352519	0	0
cytochrome Cbb3	27,99059024	0	0
hypothetical protein	27,49329548	0	0
hypothetical retrotransposon	27,31994558	0	0
hypothetical protein	27,11478954	0	0
vacuolar protein sorting associated protein 18 homolog	26,16511696	0	0
transcriptional adapter ADA2-like isoform X2	25,88377162	0	0
TRIGALACTOSYLDIACYLGLYCEROL 3, chloroplastic isoform X1	25,69954548	0	0
mediator of RNA polymerase II transcription subunit 31	25,45795164	0	0
retrotransposon protein	25,33885011	0	0
Schistosoma curassoni genome assembly S_curassoni_Dakar ,scaffold SCUD	24,42470895	0	0
hypothetical protein	24,15241565	0	0
aluminum-activated malate transporter 9-like	23,19562831	0	0
RING-H2 finger protein ATL56-like	22,78098511	0	0
ARM REPEAT PROTEIN INTERACTING WITH ABF2-like	22,78098511	0	0
hypothetical protein	22,49710991	0	0

retrotransposon protein	21,55693218	0	0
cytochrome P450 94C1-like	21,49277464	0	0
hypothetical protein	21,28164719	0	0
hypothetical protein	20,81144749	0	0
zinc finger MYM-type protein 1	20,3999217	0	0
antennal esterase CXE9	20,36157598	0	0
topless-related protein 1-like	20,04136618	0	0
5-dehydro-2-deoxygluconokinase	19,91242357	0	0
anthranilate synthase alpha subunit 1, chloroplastic-like	18,81162099	0	0
histone-arginine methyltransferase 1.3	18,78172245	0	0
retrotransposon protein	18,72490652	0	0
protein notum homolog	18,35992953	0	0
troponin C, skeletal muscle-like	18,25165699	0	0
hypothetical protein	18,15986324	0	0
DNA-directed RNA polymerase III subunit RPC2-like	17,80173939	0	0
retrotrnasposone	17,71440461	0	0
glutamate receptor ionotropic, NMDA 2C	17,69993206	0	0
gag-pol polyprotein	17,44341131	0	0
malate dehydrogenase	17,3734698	0	0
hypothetical protein	17,24897838	0	0
exocyst complex component EXO70A1-like	17,18739932	0	0
putative late blight resistance protein homolog R1B-19, partial	17,0320101	0	0
hypothetical protein	16,56323918	0	0
hypothetical protein	16,50016515	0	0
AC transposase	16,33839883	0	0
pentatricopeptide repeat-containing protein At3g48250, chloroplastic [Sesamum indicum]	16,01630126	0	0
G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase	15,56373336	0	0
serine/threonine protein kinase	15,54140376	0	0
hypothetical protein	15,54140376	0	0
acetyltransferase	15,47479774	0	0
hypothetical protein	15,44170837	0	0
NADH dehydrogenase subunit 7	15,27836167	0	0
protein notum homolog	15,26759467	0	0
hypothetical protein	15,16075356	0	0
dehydrogenase	15,09736365	0	0
predicted protein, partial [Hordeum vulgare subsp. vulgare]	14,69790831	0	0
hypothetical protein	14,56614759	0	0

hypothetical protein	14,54007842	0	0
hypothetical transposable element-related protein,	14,50114916	0	0
polyadenylate-binding protein RBP47-like isoform X2	14,45277975	0	0
hypothetical protein	13,89654704	0	0
disease resistance protein RPS2-like	13,7118461	0	0
probable ubiquitin-conjugating enzyme E2 23	13,65136537	0	0
elongation factor Tu	13,47308261	0	0
G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g27290 isoform X1	13,30756563	0	0
hypothetical protein	13,12217858	0	0
Gag-protease-integrase-RT-RNaseH polyprotein	12,83454789	0	0
cation/calcium exchanger 4	12,4081998	0	0
retrovirus-related Pol polyprotein from transposon TNT 1-94	12,21924244	0	0
beta-amylase 8	12,02259536	0	0
hypothetical protein	11,98269737	0	0
profilin-2	11,76151837	0	0
hypothetical protein	11,61647016	0	0
ribosomal protein S10	11,61647016	0	0
protein FAR-RED IMPAIRED RESPONSE 1-like	11,49321848	0	0
galactose-1-phosphate uridylyltransferase	11,39049256	0	0
probable sulfate transporter 3.4 [	11,37255477	0	0
L-amino-acid oxidase-like	11,30726349	0	0
hypothetical protein	11,07603111	0	0
alanine--tRNA ligase	11,01969321	0	0
heat stress transcription factor A-4a	10,96392553	0	0
UPF0481 protein At3g47200-like [	10,59399357	0	0
DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	10,54757393	0	0
hypothetical protein	10,3214468	0	0
Nucleus isoform 5	10,31162153	0	0
UDP-D-xylose:L-fucose alpha-1,3-D-xylosyltransferase MGP4	10,20957438	0	0
putative squalene synthase 2 [	10,1903654	0	0
THYLAKOID FORMATION1, chloroplastic [	10,11897097	0	0
protein FAR1-RELATED SEQUENCE 4, partial	9,81191886	0	0
gypsy/Ty-3 retroelement polyprotein	9,637329556	0	0

glycine--tRNA ligase 2, chloroplastic/mitochondrial isoform X2	9,548134351	0	0
sorting nexin carboxy-terminal protein	9,493740947	0	0
poly(rC)-binding protein 3 isoform X3	9,456445588	0	0
hypothetical protein	9,452319739	0	0
60S ribosomal protein L21-1-like	9,390861223	0	0
retrotransposon protein, putative, Ty1-copia subclass [Oryza sativa Japonica Group]	9,330196745	0	0
serine/threonine-protein kinase haspin homolog	9,318157782	0	0
reverse transcriptase, partial	9,226881108	0	0
hypothetical protein	9,049589324	0	0
hypothetical protein	8,875344876	0	0
zinc finger MYM-type protein 1-like	8,792498718	0	0
hypothetical protein	8,686734901	0	0
putative phospholipid-transporting ATPase 8	8,512658877	0	0
gag-pol polyprotein	8,41675091	0	0
putative ER lumen protein-retaining receptor C28H8.4	8,307023329	0	0
hypothetical protein	8,10805271	0	0
hypothetical protein	8,015063575	0	0
hypothetical protein	7,821197416	0	0
beta-1,3-galactosyltransferase 2	7,745697834	0	0
probable glutamate carboxypeptidase 2 isoform X2	7,636488136	0	0
30S ribosomal protein S3Ae	7,585685169	0	0
60S ribosomal protein L27-like	7,538175658	0	0
hypothetical protein	7,250574579	0	0
hypothetical protein	7,164258215	0	0
hypothetical protein	6,959433615	0	0
hypothetical protein	6,899591351	0	0
WD repeat-containing protein 44-like	6,730263076	0	0
Retrovirus-related Pol polyprotein from transposon TNT 1-94	6,730263076	0	0
zinc finger MYM-type protein 1-like	6,709419895	0	0
hypothetical protein	6,678396067	0	0
E3 ubiquitin-protein ligase RING1-like	6,668118449	0	0
retrotransposon protein	6,647657822	0	0
gag-pol polyprotein	6,438251662	0	0
retrotransposon protein	6,403995519	0	0
hypothetical protein	6,275989815	0	0
hypothetical protein	6,024670979	0	0
armadillo repeat-containing protein 8	5,556480339	0	0

isoform X2			
RNA polymerase beta" subunit protein (chloroplast	5,522487087	0	0
tunicamycin induced 1, partial	5,394600807	0	0
hypothetical protein	5,195375742	0	0
GDSL esterase/lipase At5q62930	5,192885149	0	0
hypothetical protein	5,113220874	0	0
pentatricopeptide repeat-containing protein At1g52620	5,065400244	0	0
copia LTR rider	4,966693453	0	0
hypothetical protein	4,768812864	0	0
hypothetical protein	4,243823084	0	0
hypothetical protein	3,649101708	0	0
hypothetical protein	3,245650463	0	0
pentatricopeptide repeat-containing protein At5g14080-like	2,837181357	0	0

Sadece Kasım kütüphanesinde ifade edilen transkriptlerin RPKM değerleri Çizelge 4.17.4.2 de verilmiştir.

Çizelge 4.17.4. 2 Sadece Kasım kütüphanesinde ifade edilen transkriptlerin RPKM değerleri

GEN ADI	**TEMMUZ RPKM SONUCU**	**KASIM RPKM SONUCU**	**TEMMUZ/ KASIM SONUCU**
Tripeptidyl-peptidase 2-like	0	5,556061157	0
auxin response factor	0	7,805010239	0
mannan endo-1,4-beta-mannosidase 7	0	10,03355723	0
AraC family transcriptional regulator	0	9,029415488	0
hypothetical protein	0	9,064922431	0
hypothetical protein	0	36,51094475	0
hypothetical protein	0	24,22711271	0
sterol 14-demethylase-like	0	49,78854804	0
guanine nucleotide-binding protein subunit gamma 3-like	0	25,15231614	0
RT12237p1 [Drosophila melanogaster]	0	25,24873794	0
testis-expressed sequence 10 protein-like	0	27,04058386	0
pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha-3, chloroplastic	0	30,1729028	0

hypothetical protein	0	10,15958472	0
protein INVOLVED IN DE NOVO 2	0	27,90810865	0
hypothetical protein	0	10,20455854	0
hypothetical protein	0	28,23282026	0
hypothetical protein	0	28,63614626	0
anthranilate synthase component I	0	28,58288623	0
hypothetical protein	0	10,37681645	0
hypothetical protein	0	29,29110259	0
contains similarity to reverse transcriptase	0	29,99622348	0
Transcription termination factor 2	0	10,65746544	0
protein transport protein SEC23-like	0	31,17254596	0
ABC transporter B family member 15-like	0	31,62153325	0
hypothetical protein	0	65,30339303	0
serine/threonine protein phosphatase BSL1 isoform 2	0	32,76772955	0
ankyrin repeat	0	32,81437401	0
GTPase-activating protein-binding 2-like	0	12,55219044	0
Gag-pol protein	0	103,8382781	0
ABC transporter G family member 14-like	0	34,69089201	0
retrotransposon protein	0	39,71076269	0
pol polyprotein, partial	0	39,67658819	0
hypothetical protein	0	40,72808788	0
auxin efflux carrier, partial	0	42,80798095	0
structural maintenance of chromosomes protein 1	0	43,45353014	0
probable receptor-like protein kinase At1g67000	0	12,37696523	0
beta4 proteasome subunit	0	17,91149786	0
subtilisin-like protease SBT1.7	0	45,0236284	0
zinc finger CCCH domain-containing protein 62	0	132,4833203	0
transport and Golgi organization 2 homolog	0	37,41211427	0
microtubule-associated protein 70-2-like	0	12,49774884	0
F-box/FBD/LRR-repeat protein At1g16930-like	0	46,5229016	0
cytochrome P450 71D95-like	0	12,60710842	0
aluminum-activated malate transporter 2-like	0	26,29266922	0
conserved oligomeric Golgi complex subunit 4	0	13,17262728	0
hypothetical protein	0	56,29327898	0

putative copia-like polyprotein	0	58,95677172	0
copia-type polyprotein, putative	0	59,41262304	0
phototropin-2	0	27,6902075	0
hypothetical protein	0	61,47226064	0
gibberellin 2-beta-dioxygenase 2	0	62,98387361	0
Chaperone protein DnaK	0	68,40385086	0
pirin-like protein	0	15,16585378	0
phosphoinositide phospholipase C 2-like isoform X2	0	75,72962464	0
membrane protein	0	233,6361258	0
dCTP pyrophosphatase 1	0	15,68703487	0
Aldehyde dehydrogenase 22A1 -like protein	0	15,79992991	0
kirola-like	0	15,99174314	0
cob(I)yrinic acid a,c-diamide adenosyltransferase	0	87,8175152	0
lisH domain and HEAT repeat-containing protein KIAA1468 homolog, partial	0	88,49173797	0
hypothetical protein	0	619,4421658	0
hypothetical protein	0	89,69687837	0
hypothetical protein	0	207,6765562	0
glutamate receptor 3.4-like isoform X2	0	111,0944469	0
protein MEI2-like 4 isoform X2	0	17,54345338	0
hypothetical protein	0	18,11559744	0
protein trichome birefringence-like 43	0	18,99637226	0
GDSL esterase/lipase At5g55050-like	0	19,04345125	0
switch-associated protein 70	0	19,10658744	0
dynamin-related protein 3A-like [	0	19,34712358	0
polygalacturonase At1g48100	0	39,7449961	0
gag-pol polyprotein	0	20,70237785	0
diacylglycerol kinase 4	0	20,96598248	0
polyprotein	0	21,77808006	0
dnaJ homolog subfamily C GRV2	0	22,36981828	0
G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase RLK1-like,	0	48,42877677	0

Temmuz ve Kasım pedisel dokularında ortak ifade edilen genlerin RPKM değerleri ve Temmuz kütüphanesinde ifade edilen gen ifadesinin Kasım kütüphanesinde ifade edilen genlere oranı Çizelge 4.17.4.3 de verilmiştir.

Çizelge 4.17.4. 3 Kasım ve Temmuz kütüphanelerinde ortak ifade edilen genler ve ifade edilen transkriptlein Temmuz/Kasım oranı

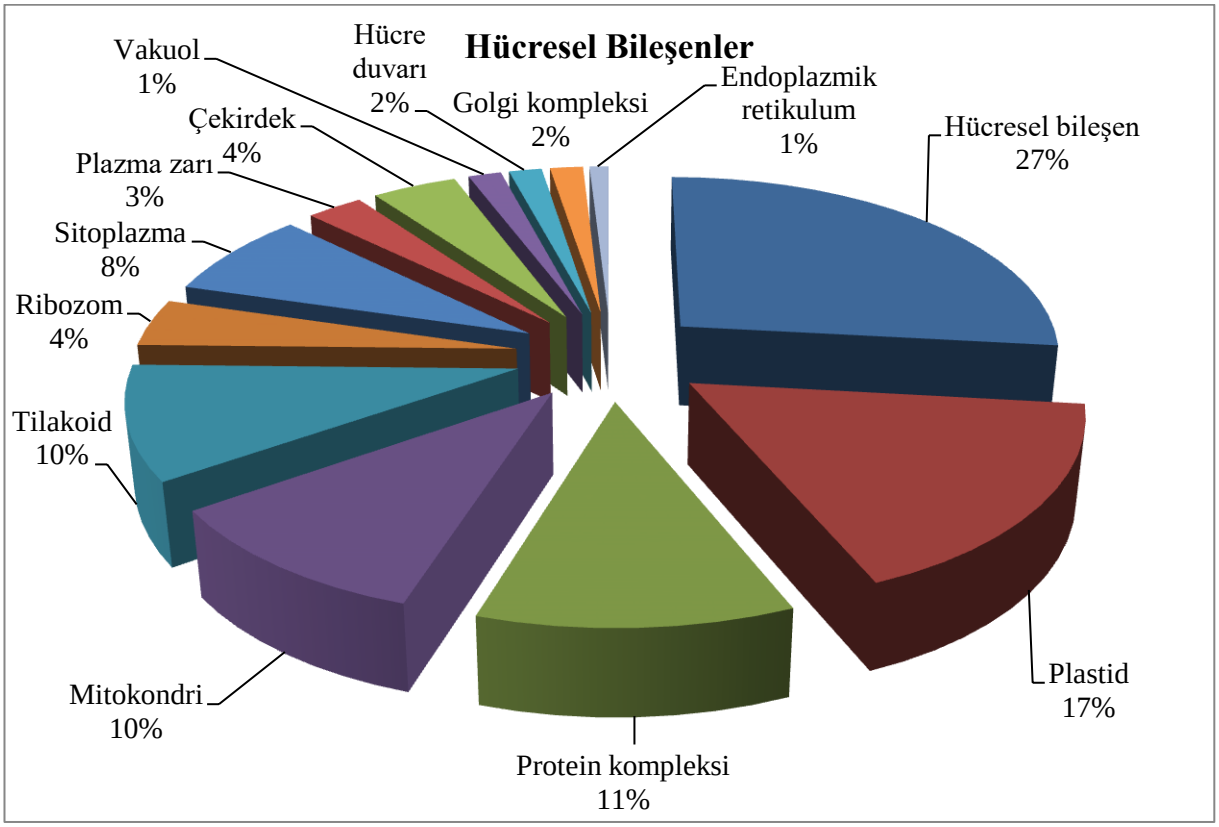
GEN ADI	**TEMMUZ RPKM SONUCU**	**KASIM RPKM SONUCU**	**TEMMUZ/ KASIM SONUCU**
hypothetical protein	17,9195342	133,4695485	7,448271093
DNA/RNA polymerases superfamily protein	3,289510605	14,00066671	4,25615491
Ribose-phosphate pyrophosphokinase 1	4,304533448	18,32076117	4,25615491
L-ascorbate oxidase	6,62529567	28,1982847	4,25615491
peroxisomal membrane family protein [	24,45227635	78,05450702	3,192116183
rps-like protein (mitochondrion)	379,5705107	1118,430618	2,946568784
ARF guanine-nucleotide exchange factor GNL2	11,26024784	23,96267956	2,128077455
protein kinase APK1A, chloroplastic	11,37255477	24,20167742	2,128077455
hypothetical protein	138,9753753	295,750363	2,128077455
acetyltransferase	19,53536235	41,57276419	2,128077455
serine/threonine-protein kinase CTR1 isoform X2 [	23,39602251	49,78854804	2,128077455
protein BCL9 homolog isoform X1	6,655826987	14,16411536	2,128077455
hypothetical protein	8,52941608	18,15125806	2,128077455
hypothetical protein	780,7738862	359,2534713	-2,173323151
hypothetical protein	25,78621326	9,145843182	-2,81944625
hypothetical protein	131,0365938	46,47600351	-2,81944625
A retrotransposon gypsy-type,	684,9873707	231,6509822	-2,956980213
spliceosomal protein	162,3454234	47,65291523	-3,406830885
tubby-like F-box protein 5	246,5401632	65,58207039	-3,759261666
hypothetical protein	4611,558352	511,1329876	-9,022227999
ATP-dependent DNA helicase PIF1-like	1746,274405	116,1314748	-15,03704667

4.17.5 Gen Atıflandırılması ve Fonksiyonel Sınıflandırma sonucu

Temmuz ve Kasım pedisel dokularında ifade edilen genlerin moleküler fonksiyonu, biyoyolojik süreci ve hücrede katıldığı yapı bileşeni olmak üzere üç ayrı kategoride GO terimleri kullanılarak sınıflandırması Blast2GO analizi ile yapılmıştır. Bunun için CLC Genomics Workbench 7.0.4 yazılımından yararlanılmıştır.

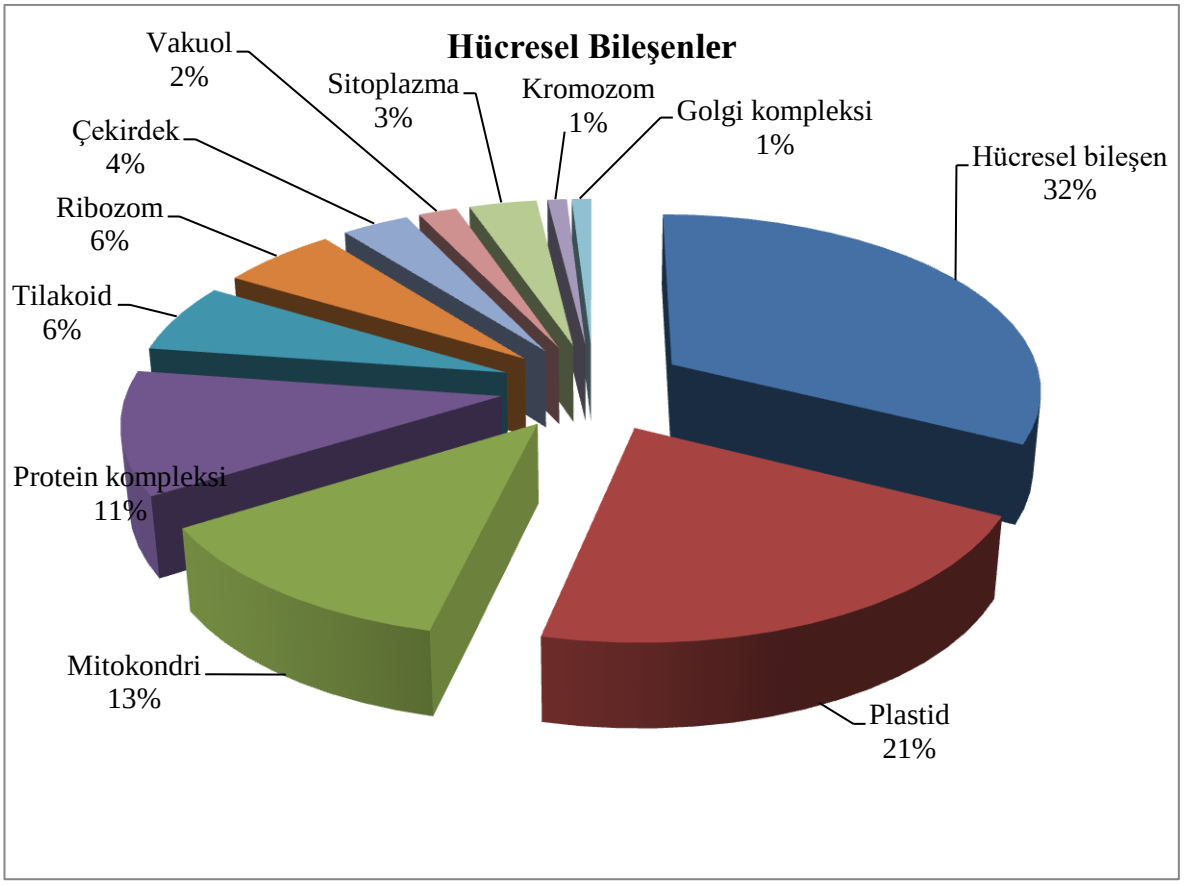
4.17.5.1. Kütüphaneleri oluşturan transkriptlerin hücresel bileşenler açısından değerlendirilmesi

Gen ontoloji sonucunda Temmuz pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin oluşturduğu hücresel bileşenler Şekil 4.17.5.1.1 de verilmiştir ve şu şekilde belirlenmiştir; %27 hücresel bileşen, %17 plastid, %11 protein kompleksi, %10 mitokondri, %10 tilakoid, %8 stoplazma, %4 çekirdek, %4 ribozom, %3 plazma zarı, %2 hücre duvarı, %2 golgi kompleksi, %1 Endoplazmik retikulumdur.



Şekil 4.17.5.1. 1 Temmuz pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin oluşturduğu hücresel yapılar

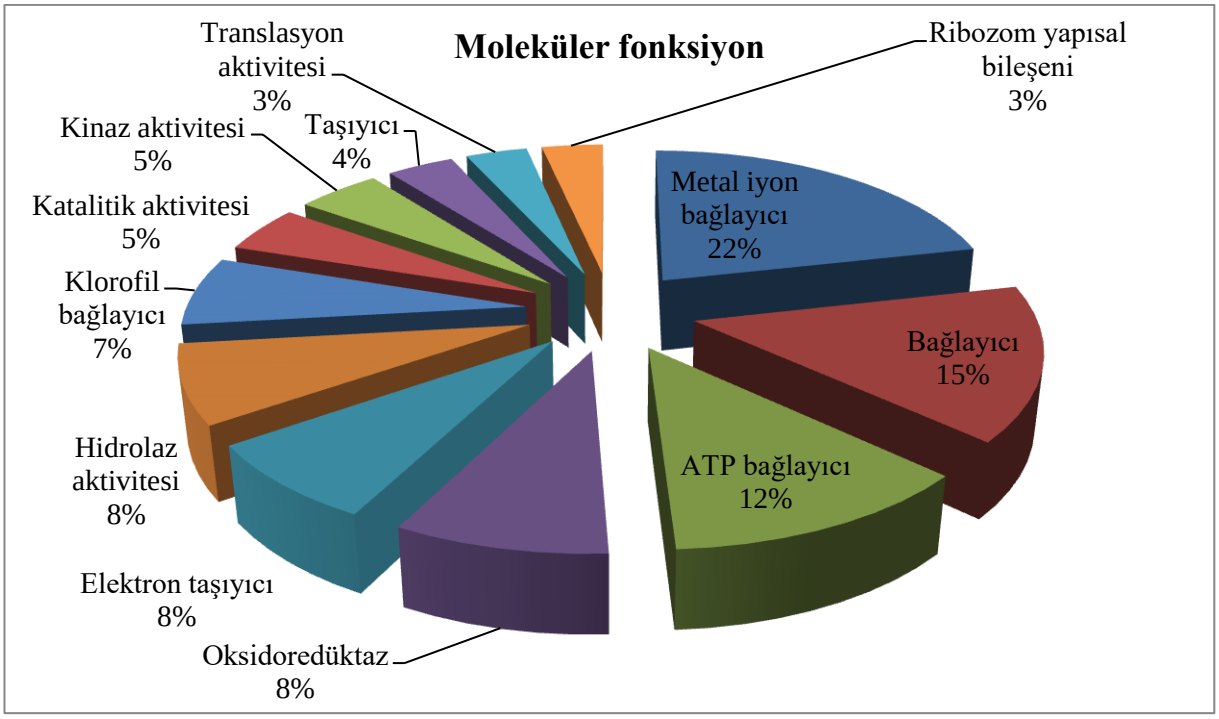
Gen ontoloji sonucunda Kasım pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin oluşturduğu hücresel bileşenler Şekil 4.17.5.2 de verilmiştir ve şu şekilde belirlenmiştir; %32 hücresel bileşen, %21 plastid, %13 mitokondri, %11 protein kompleksi, %6 tilakoid, %6 ribozom, %4 Çekirdek, %3 Stoplazma, %2 Vakuol, %1 Golgi kompleksi, %1 kromozomdur.



Şekil 4.17.5.1. 2 Kasım pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin oluşturduğu hücresel yapılar

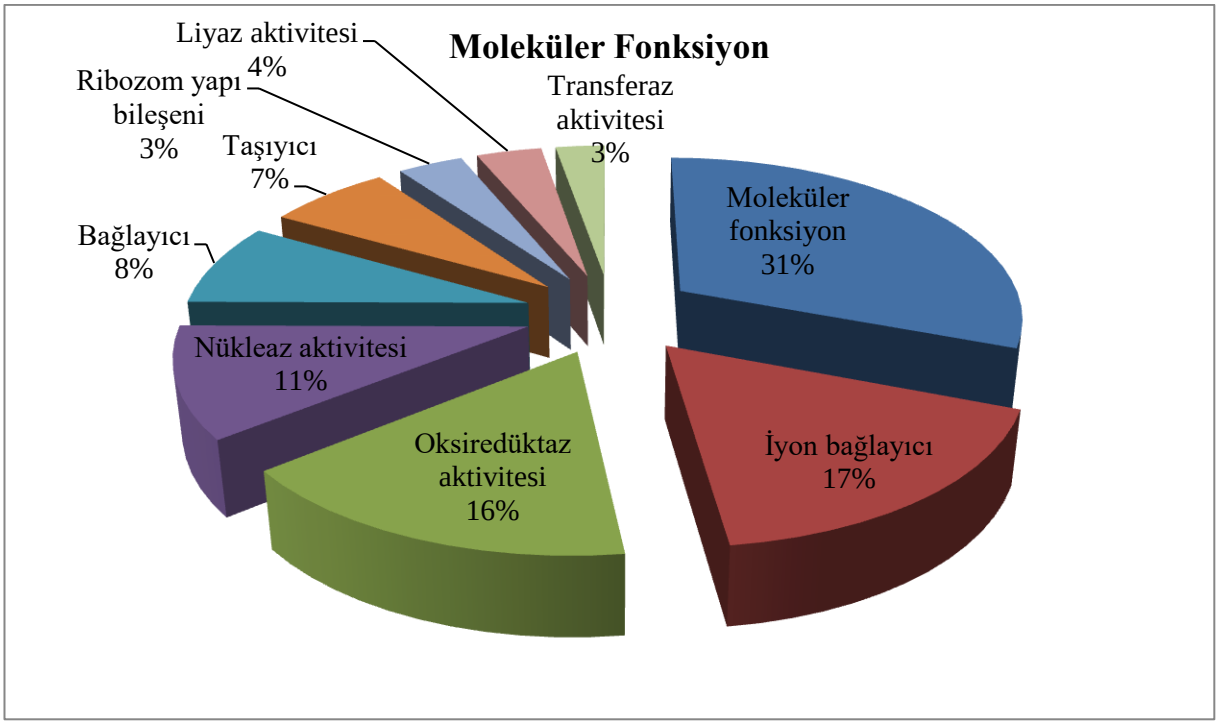
4.17.5.2. Kütüphaneleri oluşturan transkriptlerin moleküler fonksiyonları açısından değerlendirilmesi

Gen ontoloji sonucunda Temmuz pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin moleküler fonksiyonları açısından sınıflandırılması Şekil 4.17.5.2.1'de verilmiştir ve oranlar şu şekilde belirlenmiştir; %22 Metal iyon bağlayıcı, %15 bağlayıcı, %12 ATP bağlayıcı, %8 Oksidoredüktaz, %8 Elektron taşıyıcı, %8 Hidrolaz aktivitesi %7 Klorofil bağlayıcı, , %5 Katalitik aktivitesi, %5 Kinaz aktivitesi, %4 taşıyıcı, %3 Translasyon aktivitesi, %3 Ribozom yapısal bileşenidir.



Şekil 4.17.5.2. 1 Temmuz pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin moleküler fonksiyonları açısından sınıflandırılması

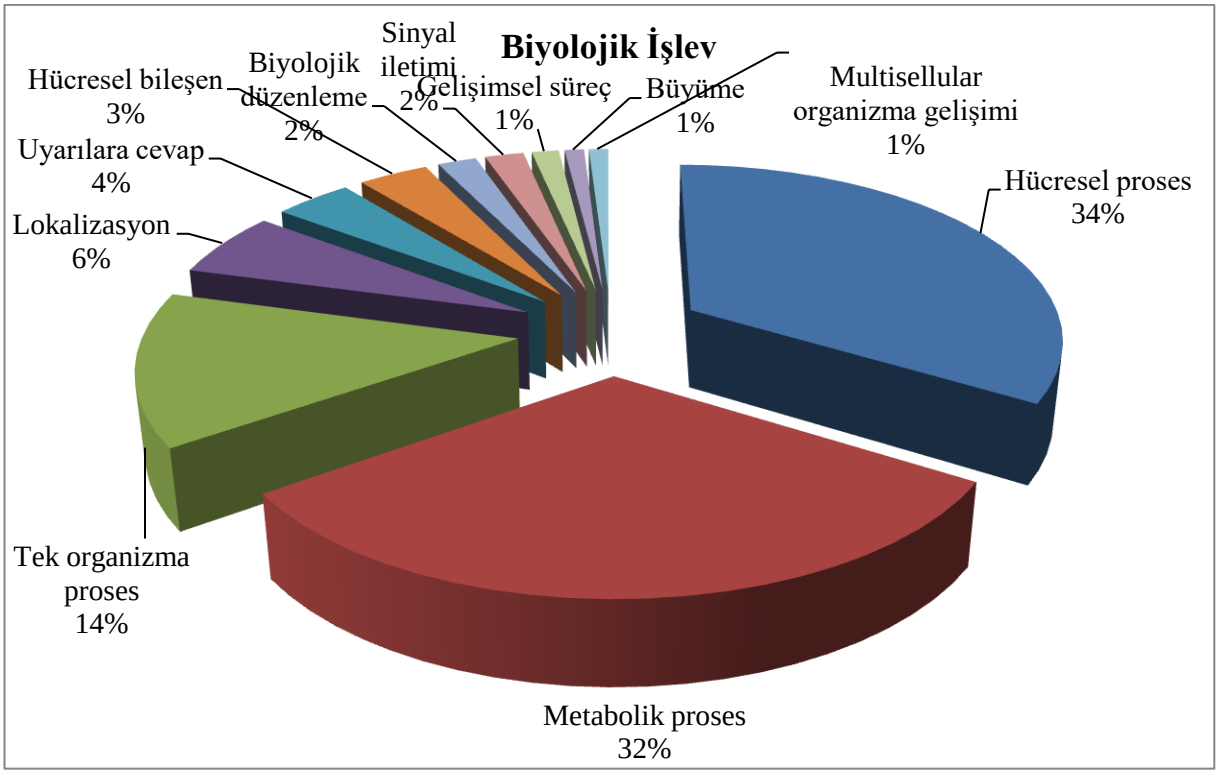
Gen ontoloji sonucunda Kasım pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin moleküler fonksiyonları açısından sınıflandırılması Şekil 4.17.5.2.2'de verilmiştir ve oranlar şu şekilde belirlenmiştir; %31 Moleküler fonksiyon, %17 İyon bağlayıcı, %16 Oksiredüktaz aktivitesi, %11 Nükleaz aktivitesi, %8 Bağlayıcı, %7 Taşıyıcı, %3 Ribozom yapı bileşeni, %4 Lyaz aktivitesi, %3 Transferaz aktivitesidir.



Şekil 4.17.5.2. 2 Kasım pedisel dokusunda bulunan transkriptlerin moleküler fonksiyonları açısından sınıflandırılması

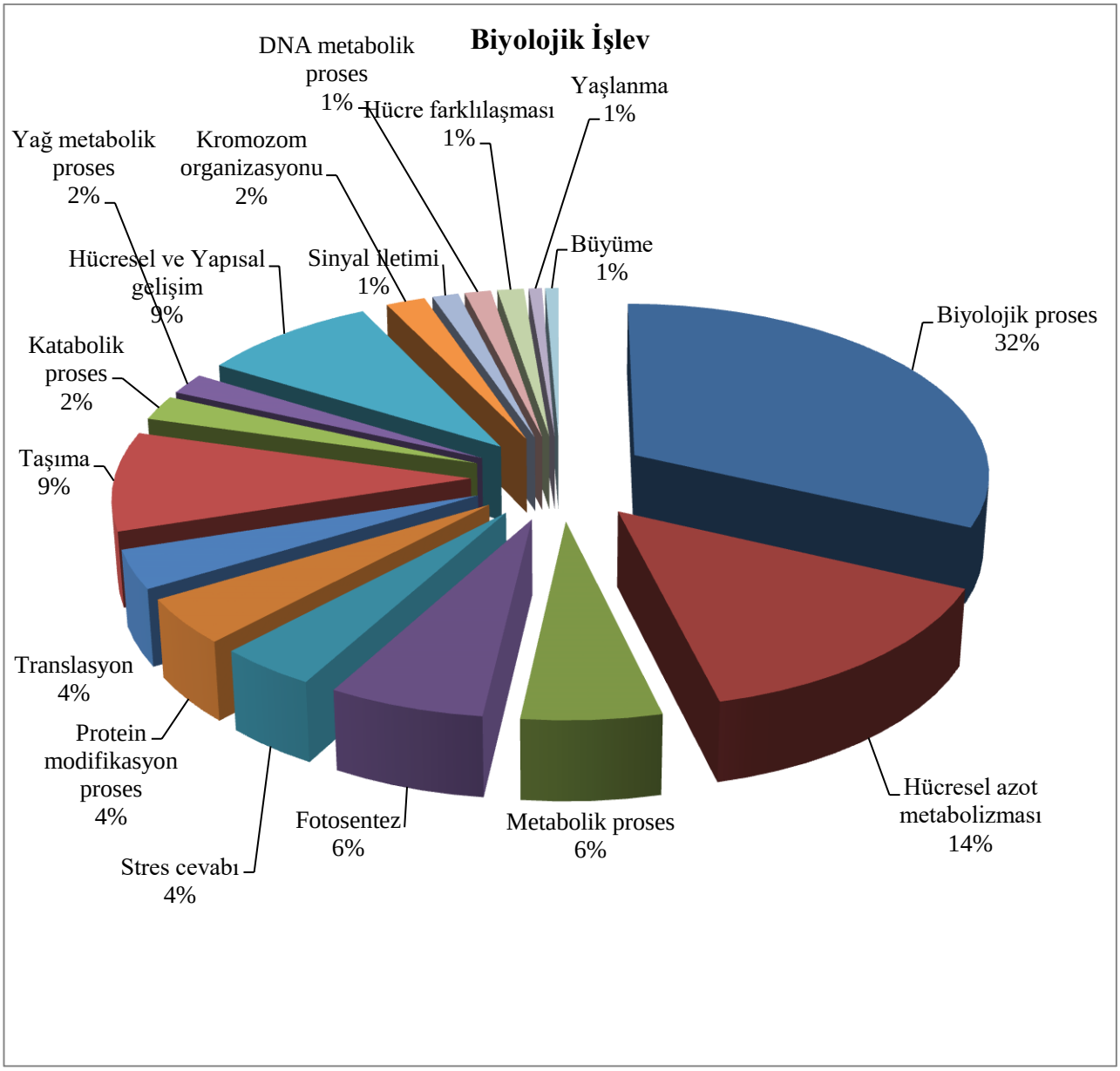
4.17.5.3. Kütüphaneleri oluşturan transkriptlerin biyolojik işlevleri açısından değerlendirilmesi

Gen ontoloji sonucunda Temmuz ayına ait pedisel dokusunda bulunan biyolojik işlevde bulunan transkriptlerin değerlendirmesi yapılmıştır ve Şekil 4.17.5.3.1'de verilmiştir. Sonuçlar şu şekilde belirlenmiştir; %34 Hücresel proses, %32 Metabolik proses, %14 Tek organizma proses, % 6 Lokalizasyon, %4 Uyarılara cevap, %3 Hücresel bileşen, %2 Biyolojik düzenleme, %2 Sinyal iletimi, %2 Gelişimsel süreç, %1 Büyüme, %1 Multisellular oraganizma gelişimidir.



Şekil 4.17.5.3. 1 Temmuz pedisel bulunan biyolojik işlevde görev alan transkriptlerin dağılımı

Gen ontoloji sonucunda Kasım ayına ait pedisel dokusunda bulunan ve biyolojik işlevde görevli transkriptlerin değerlendirmesi yapılmıştır. Şekil 4.17.5.3.2'de bu transkriptlerin sınıflandırmasına ait dağılım verilmiştir. Sonuçlar şu şekilde belirlenmiştir; %32 biyoloijik işlev, %14 hücresel azot metabolizması, %9 Taşıma, %9 Hücresel ve yapısal gelişim, %6 Metabolik proses, %6 Fotosentez, %4 Stres cevabı, %4 Protein modifikasyon proses, %4 Translasyon, %2 Katabolik proses, %2 Yağ metabolik proses, %2 Kromozom organizasyonu, %1 Sinyal iletimi, %1 DNA metabolik proses, %1 Hücre farklılaşması, %1 Büyüme, %1 Yaşlanmadır.



Şekil 4.17.5.3. 2 Kasım ayına ait pedisel dokusunda bulunan ve biyolojik işlevde görevli transkriptlerin dağılımı

4.18 Gerçek Zamanlı PZR Analizi

4.18.1 Gerçek zamanlı PZR analizi için belirlenen genler

Temmuz ve Kasım kütüphanelerinde farklı ifade edilen genlerden 10 tanesi seçilmiştir ve Çizelge 4.18.1.1'de bu genlerin Temmuz ve Kasım kütüphanelerindeki ifade seviyeleri verilmiştir.

Çizelge 4.18.3.1 Primer tasarımı için seçilen genlerin Temmuz ve Kasım kütüphanelerindeki ifade seviyeleri

GEN	TEMMUZ (İFADE SAYISI)	KASIM (İFADE SAYISI)	TEMMUZ/ KASIM	KASIM/ TEMMUZ
beta tubulin	230	0	21,9	0,0
transport membrane	56	1	37,1	0,0
14-3-3	48	0	31,8	
acyl (carrier protein)	26	0		
ethylene intensive 3	17	0		
atpF	14	300	0,0	32,3
clp protease proteolytic	1	86	0,0	129,8
ABC transporter B family	2	19	0,1	14,3
nad1	92	4	15,2	0,1
sdh3	4	18	0,1	6,8

Primer tasarımı için seçilen bu genlere ait dizi bilgisi, ilk olarak internette nükleotit blast (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) programı kullanılarak aratılmıştır. Böylece hem dizinin istenilen gene ait olup olmadığı bilgisi teyit edilmiş hem de en çok benzerlik gösteren organizmaya ait genin dizisi alınarak, clustalw2 programı yardımıyla, pedisel kütüphanelerinde ifade edilen genin dizi bilgisiyle en çok benzerlik gösteren yerler belirlenmiştir. Bu benzerlik gösteren bölgelerden primer3 (http://bioinfo.ut.ee/primer3-0.4.0/) programı yardımıyla ortalama primerler tasarlanmıştır. Çizelge 4.18.2.1 de seçilen genlerin ileri ve geri primer dizileri verilmiştir.

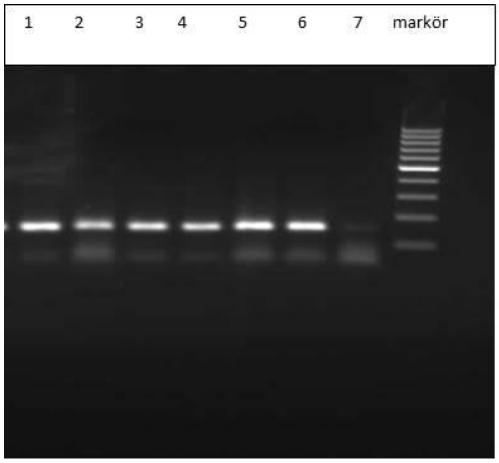
Çizelge 4.18.4.1 Seçilen genlere ait tasarlanan ileri ve geri primer dizileri

GEN	İLERİ PRİMER DİZİSİ (5'-3')	GERİ PRİMER DİZİSİ (5'-3')
14-3-3 SİNYAL GENİ	GAGGAATTGACGGTTGAGGA	CGGATCCGATGAGTTTGAGT
ABC TRANSPORTER B	GTGGGAGGATTCGTGATTGC	CGTTCTGATGGAGCCAATTGT
ACYL (CARRİER PROTEİN)	AAAGAGACGAGGAGGTTGGC	TCAGCATTGCCATCATTCAGT
ATPF	GCAAACAAGAGGTCCAAGGC	AAGCTGTAGAGGGTATCGCG
BETA TUBULİN	TGCAACTCTCTCTGTTCACCA	TGGGAGTTGTGAGCTTGAGA
ETHYLENE İNTENSİVE 3	ACAGGGAATGAGGAGTGGTG	CCTTGGCAGTCATCTTGTCC
NAD1	GGTTTGTGCCGTAGGTGTTG	TTCCACTTATCGATCCCGGC
CLP PROTEASE	TCTGAAAGGAAGGGTGGCAA	ACAGTTCTCTATCTCGCGTGA

SDH3	GGTAGTCCCGTAGCAGGTTT	GCCCCAAGAAGCATCAAACA
TRANS MEMBRANE	ACGAACCCTCAGACGACCTA	CTCGGAGCAATCAGACCCAG
18 S	GTGACGGGTGACGGAGAATT	GACACTAATGCGCCCGGTAT

4.18.3 Tek zincirli cDNA oluşturulması

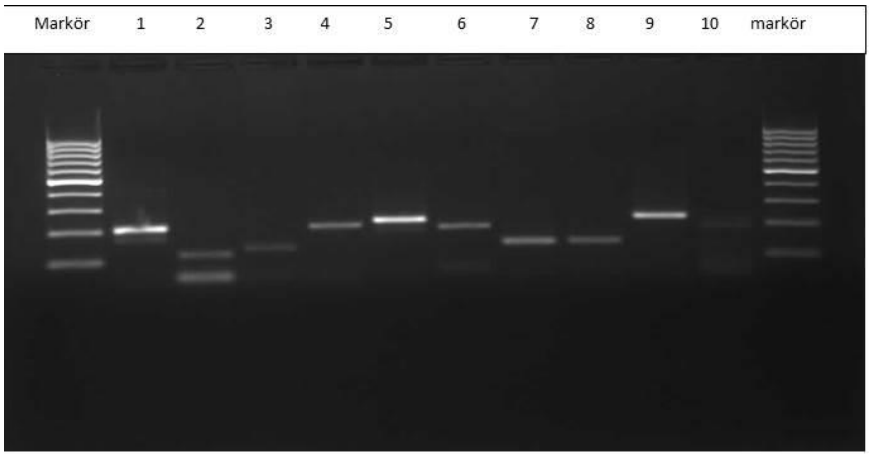
Gerçek zamnalı PZR analizinin yapılabilmesi için gerekli olan Fermentas First Strand cDNA Synthesis Kit (Thermo Fisher Scientific) kullanılarak sentezletilen cDNA'ların yarı nicel analizi ve çalışma koşullarının kontrolü için 1/5, 1/10, 1/20 sulandırmaları su ile yapılarak, housekeeping bir gen olan 18S Ribosomal RNA primeri ile BIO-RAD T100 thermocycler cihazında PZR'ları yapılmıştır. PZR sonucu jelde yürütülen cDNA'ların görüntüsü Şekil 4.18.3.1' de verilmiştir.



Şekil 4.18.3.1 Sentezletilen cDNA'ların yarı nicel analizi ve çalışma koşullarının kontrolü için 1/5, 1/10, 1/20 sulandırmaları su ile yapılarak, housekeeping bir gen olan 18S Ribosomal RNA primeri ile yapılan PZR görüntüsü (1- Temmuz pedisel 1/5 sulandırma, 2- Temmuz pedisel 1/10 sulandırma, 3- Temmuz pedisel 1/20 sulandırma, 4- Kasım pedisel 1/5 sulandırma, 5- Kasım pedisel 1/10 sulandırma, 6- Kasım pedisel 1/20 sulandırma, 7 negatif kontrol, markör)

4.18.4 Primerlerin Çalışma Koşullarının Optimizasyonu

Her bir gen için tasarlanan primerlerin PZR koşullarının en uygun çalışma sıcaklığını belirlemek üzere PZR reaksiyonu kurulmuştur. Oluşan PZR ürünlerin üzerine 2µl loading dye eklenmiş, % 1,5 luk agaroz jel hazırlanmış ve elektroforeze 10 µl ürün yüklenerek yürütülmüşlerdir ve oluşan jel görüntüsü Şekil 4.18.4.1'de verilmiştir. Markör olarak 100 bç aralığında gen cetveli kullanılmıştır ve primerlerin bant verme durumlarına göre bağlanma sıcaklıkları belirlenmiştir.



Şekil 4.18.4. 2 Primerlerin 55℃ sıcaklıkta bant verme durumları (Markör, 1- *ATPF*, 2- *Beta Tubulin*, 3- *Acyl*, 4- *Ethylene Intensive 3*, 5- *clp protease*, 6- *sdh3*, 7- *Transport Membrane*, 8- *Nad1*, 9- *14_3_3*, 10- *ABC transporter B*, markör)

4.18.5 Gerçek zamanlı PZR

Seçilen genlerin Temmuz ve Kasım pedisel dokularındaki ifade seviyeleri gerçek zamanlı PZR ile belirlenmiştir. Bu amaç için, oluşturulan tek zincirli cDNA'lar, geliştirilen primerler, SYBR Green I Master (Roche) kullanılarak Roche LightCycler®480 cihazında çoğaltılmışlardır.

4.18.6 Sonuçların Analizi

Sonuçlar LightCycler ®480 Software yazılımı aracılığı ile analiz edilmiştir. PZR sonucunda her bir örnek için Ct (Cycle Treshold - Eşik Döngü) değerleri elde edilmiştir ve Çizelge 4.18.6.1 de verilmiştir.

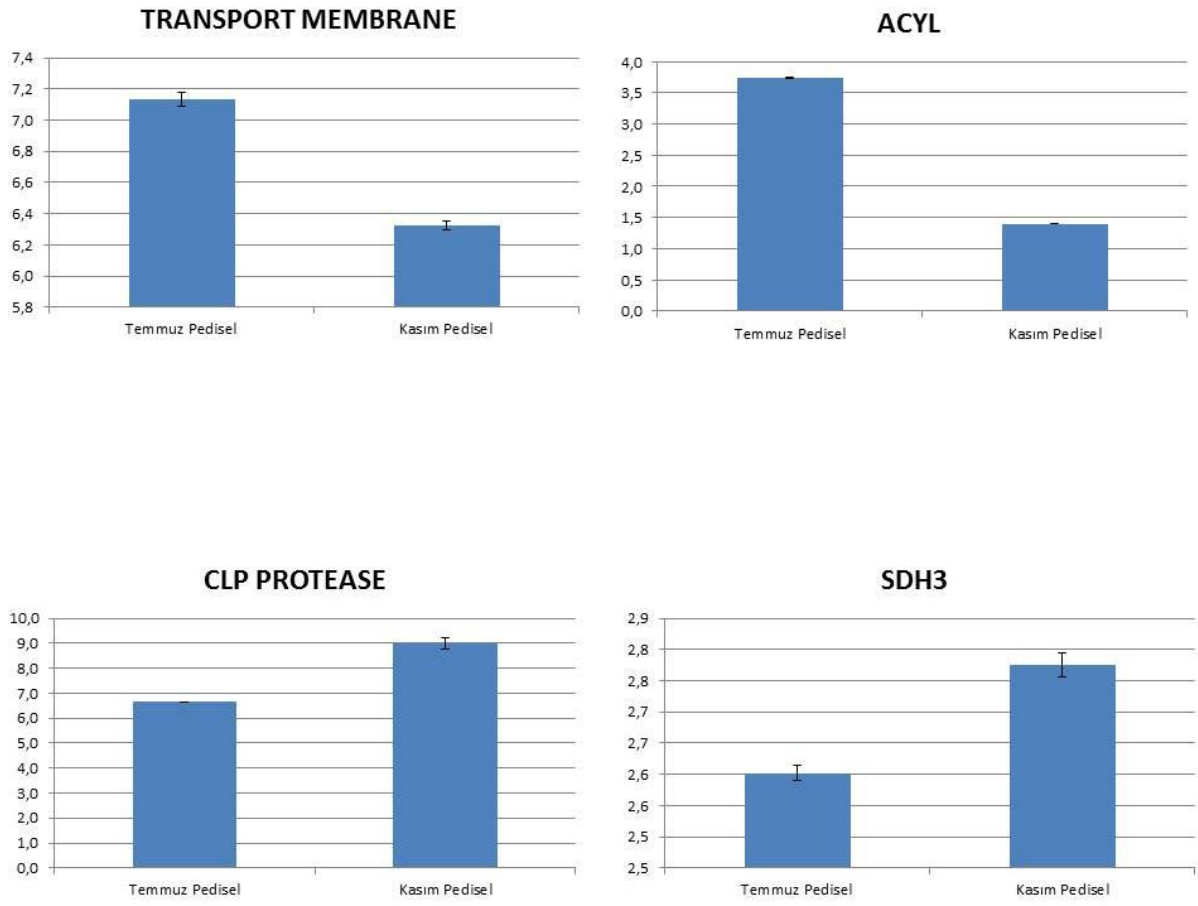
Çizelge 4.18.6.2 Gerçek zamnalı PZR analizi sonucunda her bir örnek için elde edilen Ct değerleri

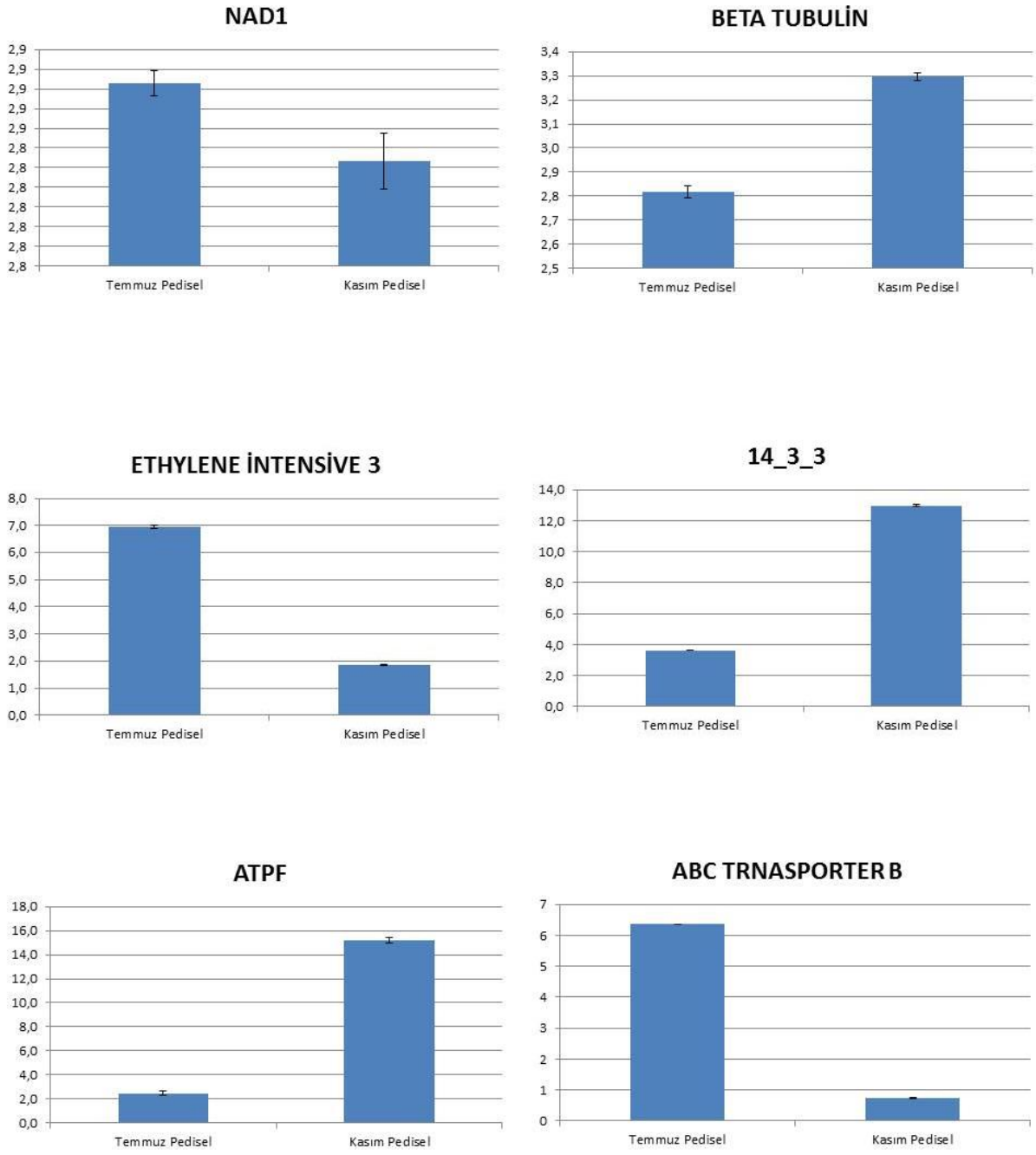
ÖRNEK ADI	**CP**
Temmuz pedisel 18s	14.29
Temmuz pedisel 18s	14.50
Temmuz pedisel 18s	14.24
Kasım pedisel 18s	15.87
Kasım pedisel 18s	16.21
Kasım pedisel 18s	15.88
Temmuz pedisel transport membrane	24.98
Temmuz pedisel transport membrane	24.73
Temmuz pedisel transport membrane	24.68
Kasım pedisel transport membrane	26.53
Kasım pedisel transport membrane	26.55
Kasım pedisel transport membrane	26.76
Temmuz pedisel acyl	25.67
Temmuz pedisel acyl	25.75
Temmuz pedisel acyl	25.76
Kasım pedisel acyl	28.68
Kasım pedisel acyl	28.88
Kasım pedisel acyl	28.81
Temmuz pedisel clp protease	31.56
Temmuz pedisel clp protease	31.55
Temmuz pedisel clp protease	31.51
Kasım pedisel clp protease	31.94
Kasım pedisel clp protease	32.69
Kasım pedisel clp protease	33.62
Temmuz pedisel sdh3	29.71
Temmuz pedisel sdh3	29.57
Temmuz pedisel sdh3	29.44
Kasım pedisel sdh3	31.17
Kasım pedisel sdh3	30.89
Kasım pedisel sdh3	31.31

Temmuz pedisel nad1	22.83
Temmuz pedisel nad1	22.73
Temmuz pedisel nad1	22.80
Kasım pedisel nad1	24.31
Kasım pedisel nad1	24.53
Kasım pedisel nad1	24.51
Temmuz pedisel beta tubulin	26.32
Temmuz pedisel beta tubulin	26.22
Temmuz pedisel beta tubulin	25.87
Kasım pedisel beta tubulin	27.65
Kasım pedisel beta tubulin	27.60
Kasım pedisel beta tubulin	27.41
Temmuz pedisel ethylene intensive 3	28.32
Temmuz pedisel ethylene intensive 3	27.81
Temmuz pedisel ethylene intensive 3	28.34
Kasım pedisel ethylene intensive 3	31.95
Kasım pedisel ethylene intensive 3	31.56
Kasım pedisel ethylene intensive 3	31.62
Temmuz pedisel 14-3-3 protein	22.50
Temmuz pedisel 14-3-3 protein	22.46
Temmuz pedisel 14-3-3 protein	22.41
Kasım pedisel 14-3-3 protein	22.38
Kasım pedisel 14-3-3 protein	22.20
Kasım pedisel 14-3-3 protein	22.19
Temmuz pedisel ATPF	41.33
Temmuz pedisel ATPF	40.72
Temmuz pedisel ATPF	42.94
Kasım pedisel ATPF	41.96
Kasım pedisel ATPF	42.69
Kasım pedisel ATPF	44.34
Temmuz pedisel ABC trnasporter B	
Temmuz pedisel ABC trnasporter B	
Temmuz pedisel ABC trnasporter B	43.84
Kasım pedisel ABC trnasporter B	46.95
Kasım pedisel ABC trnasporter B	49.84
Kasım pedisel ABC trnasporter B	50.85
18s_negatif kontrol	29.54
Transport membrane negatif kontrol	42.21
acyl negatif kontrol	48.70
clp protease negatif kontrol	
sdh3 negatif kontrol	41.67
nad1 negatif kontrol	38.78
beta tubulin negatif kontrol	33.44

ethylene intensive 3 negatif kontrol	45.84
14_3_3 negatif kontrol	
ATPF negatif kontrol	
ABC transporter B negatif kontrol	42.33

Her bir gene ait ifade değeri 18S geni ile normalize edilmiştir. Ardından, genlerin anlatım düzeyleri $2^{(-\text{Delta Delta } Ct)}$ metodu (Livak and Schmittgen, 2001) kullanılarak hesaplanmıştır. Analiz sonuçlarına göre genlerin ifade seviyelerini gösteren grafikler Şekil 4.18.6.1'de verilmiştir.





Şekil 4.18.6. 1 Gerçek zamanlı PZR analiz sonuçlarına göre genlerin ifade seviyelerini gösteren grafikler

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

5.1 Roche 454 FLX+ ile Transkriptom Dizilenmesi

Zeytinde ham (Temmuz ayına ait) ve olgun (Kasım ayına ait) pedisel dokusunda karşılaştırmalı transkriptom analizi yapılmıştır. Saflık ve bütünlük analizi ile kalitesinden emin olduğumuz RNA ların, 454 FLX+ protokolüne uygun olarak dizilemeye hazır hale getirilmesi için 450- 1250 bç uzunlukta parçalara ayrılması sağlanmıştır. Parçalamanın olup olmadığı biyoanalizör (Agilent Bioanalyzer High Sensitivity 2100) ile kontrol edilmiş ve bulgular 4.4 'de verildiği üzre parçalamanın istenilen uzunlukta gerçekleştiği görülmüştür. Daha sonra parçalanan bu RNA'lardan cDNA sentezlettirilmiştir. Sentezletilen Temmuz kütüphanesine ait cDNA'ların ortalama uzunluğunun 1.014 bç ve Kasım kütüphanesine ait cDNA'ların ortalama uzunluğunun 940 bç olduğu görülmüş ve bulgular 4.6'da verilmiştir. Bu uzunluk ise cihazın dizileme kapasitesine göre uygundur. Protokol gereği %5-20 aralığında zenginleştirilmiş boncuk sayısı kabul edilebilirken, iyi bir dizileme için yaklaşık % 10 zenginleştirilmiş boncuk uygundur. İşlemler sonucunda da sekans titrasyonunda kullanılacak örnek miktarı belirlenmiştir. Daha sonra sekans titrasyonu yapılmış zenginleşme oranı bulgular 4.15' de verildiği üzre Temmuz DNA 'larında %12,6 iken Kasım DNA'larında %10.2 olmuştur ve kütüphanelerin zenginleşme oranının optimum düzeyde olduğu görülmüştür.

5.2 Dizileme Sonuçlarının Değerlendirilmesi

Roche 454 GS-FLX+ cihazında gerçekleştirilen dizileme sonucu Ayvalık Temmuz kütüphanesinde ortalama uzunluğu 317 nükleotit olan 96.614 okuma ve Kasım kütüphanesinde ise ortalama uzunluğu 421 nükleotit olan 68.119 okuma gerçekleştirilmiştir. Sonuçta Temmuz kütüphanesinde toplam okunan baz sayısı 30.648.620 ve Kasım kütüphanesinde toplam okunan baz sayısı 28.649.387 olmuştur. İyi bir transkriptım karakterizasyou için kabul edilen değer 100 milyon okuma (>100bç) iken 10 milyon okuma (>100bç) da genlerin ifade seviyelerini belirlemek için yeterli

kabul edilmektedir (Wolf J.B.W 2013). Dolayısıyla bizim okuma sonuçlarımızda transkriptom karakterizasyonu için uygundur.

Dizileme cihazından sff formatında alınan okumalar, biyoinformatik analizlerinin yapılabilmesi için FASTA formatına çevrilmişlerdir. Okumalar önce GS *de novo* Assembler programında *de novo* olarak birleştirilmiş, daha sonra da genom konsörsiyumu kapsamında 4x derinliğinde genom okuması yapılan Ayvalık (*O.europea* L.*cv*. Ayvalık) bitkisinin kendi genom dizi bilgisi kullanılarak GS Mapper programında birleştirilmiştir. *Denovo* birleştirme sonucunda elde edilen kontig sayısı her iki kütüphane için daha az iken, referans genom bilgisi kullanılarak oluşturulan kontiglerin sayısı her iki kütüphane için daha fazla olmuştur. Bu yüzden biyoinformatik analizlerde haritalandırılarak birleştirilen kontigler kullanılmıştır.

5.3 Kütüphanelerde İfade edilen Gen Anotasyonlarının Karşılaştırılması

Her iki kütüphaneye ait genler ubuntu BIOLINUX 8 yazılımında bulunan blastn analizler ile bulunmuştur. Kütüphaneler arasındaki gen ifade farklılıkları ise CLC Genomics Workbench yazılımı aracılığıyla yapılan RPKM hesaplaması sonuçlarına göre belirlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre her iki kütüphane içinde farklı ifade edilen genler bulunmaktadır. Çünkü dokularda, farklı gelişim aşamalarına göre genlerin aktifliği değişmektedir (Gomez-Jimenez *et al.* 2010). Bu duruma bağlı olarak bulunan genler, sadece Temmuz kütüphanesinde ifade edilenler, sadece Kasım kütüphanesinde ifade edilenler ve her iki kütüphanede farklı oranda ifade edilenler olmak üzere değerlendirilmişlerdir. Değerlendirilen bu genler ise kendi arasında moleküler fonksiyonu, katıldığı hücresel yapı ve biyolojik süreç açısından CLC Genomics Workbench 7.0.4 yazılımı aracılığıyla Blast2GO analizleri yapılarak sınıflandırılmışlardır.

5.3.1 Kütüphaneleri oluşturan transkriplerin hücresel yapı anotasyonlarına göre değerlendirilmesi

Elde edilen analiz sonuçları, kütüphaneleri oluşturan transkriptlerin oluşturduğu hücresel yapı açısından bulgular 5.17.4.1'e göre değerlendirildiğinde iki kütüphanede en çok oranı hücresel bileşenleri oluşturan transkriptler almıştır. Bitkiyi oluşturan hücresel bileşenler ise basitçe zar, stoplazma ve çekirdek olarak sınıflandırılabilir. Stoplazma içinde organeller bulunur ve canlılığın devam etmesi için gerekli tüm yapım, yıkım ve iletim işlemleri burada gerçekleşir. Kütüphanelerimize ait hücresel bileşenleri oluşturan genlere örnek olarak *cytochrome b559 subunit alpha* gibi kloroplastta fotosentez II işlemlerinin gerçekleştiği zar kompleksini üreten proteini sentezleten (Pakrasi H.B. *et al 1988)* , *NADH dehydrogenase* gibi mitokondride elektron taşıyan enzim kompleksini oluşturan (Weıss H. *et al.* 1990), *glutamine synthase* gibi azot metabolizmasında azot fiksasyonunu sağlayan enzimin yapısını oluşturan genler verilebilir. Ham ve olgun olarak değerlendirilen Temmuz ve Kasım aylarına ait pedisel dokularında da hücreler hala canlılığını devam ettirdiği için, iki kütüphanede de transkriptlerin en çok hücresel bileşenleri oluşturma oranına sahip olması beklenen bir durum olarak değerlendirilebilir.

Daha sonra en büyük oran Kasım kütüphanesinde %21 ile plastid miktarında olmuştur. Temmuz kütüphanesinde ise bu oran %17 dir. Özellikle yağ üretiminin gerçekleştiği bitkilerde plastidler önemlidir. Çünkü yağ sentezinin ilk plastidlerde başladığı bilinmektedir (Conde et al. 2008). Zeytin yağlı bir bitki olduğu için plastid miktarının her iki dokuda fazla olması beklenen bri durum olarak değerlendirilebilir.

Mitokondri ile ilgili transkriptlerin oranına baktığımızda Temmuz kütüphanesinde %10 iken, Kasım kütüphanesinde %13 çıktığı görülmüştür. Mitokondri hücre için enerji üretmenin yanında, mitokondri ile ilişkili Endoplazmik Retikulum zarları (MAM) ile hücre fizyolojisi ve iç denge için kritik bir önem taşımaktedır (Rizzuto R.M. *et al.* 2009). MAM içerisinde yağ biyosentezi ile ilgili enzimler bulunmaktadır. Örneğin bu zar yapısında fosfolipitlerin yapısına katılan fosfatidilserin sentezi E.R yüzünde

gerçekleşirken, fosfatidilserin dekarboksilaz işlemi mitokondri yüzünde gerçekleşmektedir (Vance J.E and Shia Y.J. 1996, Lebiedzinska M. *et al.*2009). Aynı zamanda mitokondrinin organaller arasındaki yağ trafiğini kolaylaştırdığı da bilinmektedir (Vance J.E and Shia Y.J. 1996). Zeytin bitkisinde yağın depolanmaya başladığı Kasım ayındaki pedisel dokusunda mitokondri oranının fazla çıkmasının nedeni olarak bu organaller arasında yağın iletim trafiği düşünülebilir.

Her iki dokudaki tilakoidi oluşturan genlerin oranına bakıldığında Temmuz kütüphanesinde % 10, Kasım kütüphanesinde ise %6 olduğu görülmüştür. Tilakoid kloroplast içindeki bir zar sistemidir ve içinde klorofil, elektron taşıma zincirinin enzimleri ve ATP bulunmaktadır. Doğrudan fotosentez olayıyla ilgili bir yapıdır ve burada üretilen metabolizma için gerekli organik bileşikler doku gelişimi için de kullanılmaktadır. Nitekim ışık az alarak fotosentezi yeterince yapamayan bitkilerin, ışık alarak yeterince fotosentez yapabilen bitkilere kıyasla gelişimlerinin daha az olduğunu gösteren bir sürü çalışma bulunmaktadır (Phılıp R. *et al*. 1969). Bu yüzden gelişimini tamamlayamayan Temmuz pedisel dokusununda bu tilakoid yapısını oluşturan transkriptlerin oranının fazla çıkmasını dokunun gelişim ile ilgili gerekli organik bileşiklerini karşılayabilmek için olduğu değerlendirilebilmektedir.

Çıkan sonuçlar protein kompleksi, ribozom, çekirdek, stoplazma, vakuaol ve kromozom açısından değerlendirildiğinde birbirine çok benzer oranlar elde edilmiştir. Ancak Temmuz kütüphanesinde E. Retikulum ile ilgili genler varken Kasım kütüphanesinde yoktur. Bu durum Kasım kütüphanesinde E. Retikulumun olmadığını göstermemektedir. Çünkü E. Retikulum hücrede proteinlerin katlanması ve taşınması, aını zamanda kalsiyumun, bazı lipit ve makromoleküllerin depolanması gibi işlevleri vardır (Düzgün A vd 2012). Bu durum daha çok Kasım kütüphanesinde okuma derinliğinin az olmasından dolayı o transkriptlerin yakalanamamasından kaynaklanmaktadır.

5.3.2 Kütüphaneleri oluşturan transkriplerin moleküler fonksiyon anotasyonlarına göre değerlendirilmesi

Kütüphaneleri oluşturan transkriptler moleküler fonksiyonları açısından sınıflandırılmış ve grupladırma sonuçları bulgular 5.17.4.2'de verilmiştir. Bu sonuçlara göre Temmuz kütüphanesinde en yüksek oran %22 ile metal iyon bağlayıcı yönünde olurken, Kasım kütüphanesinde en yüksek oran %31 ile moleküler fonksiyon yönünde olmuştur. Temmuz kütüphanesinde sınıflandırması yapılan metal iyon bağlayıcıları %34 demir iyon bağlayıcılar, %17 mağnezyum iyon bağlayıcılar, %13 çinko iyon bağlayıcılar ve %8 kalsiyum iyon bağlayıcılar olacak şekilde dağılım göstermiştir. Bu iyonlardan kalsiyumun bitki büyümesi ve gelişiminde temel rol oynadığı, hücreler arası sinyal iletiminde, biyotik ve abiyotik streslere karşı dirençte etkin rol aldığı bilinmektedir. Ayrıca mitokondri çekirdek stoplazma gibi organallerin zarlarında da kalsiyum sinyalini oluşturup algılayacak yapılar olduğu belirlenmiştir (Tuteja N. and Mahajan S. 2007). Çinko iyonu, protein protein etkileşimi, protein nükleik asit etkileşimi, protein yağ etkileşimi gibi yüzbinlerce proteinin yapısal kofaktörünü oluşturmaktadır (Lyons T.J. and Eide D.J 2006). Demir iyonunun ise kloroplasttaki fotosentez, mitokondrideki solunum zincirlerinde kilit rol oynadığı ve hücrelerde iç dengeyi sağladığı belirlenmiştir (Thomine S and Lanquar V. 2011). Magenzyum iyonu klorofil ve ribozomu birleştiren yapıların temel atomudur. Aynı zamanda RNA polimeraz, ATPaz, protein kinaz, fosfataz, karboksilaz gibi enzimlerin fonksiyonel hale dönmesinde de etkili olduğu bilinmektedir (Shaul O. *et al.* 2002). Bu iyonların bildirilen işlevleri düşünüldüğünde, Temmmuz ayına ait pediselin gelişmekte olan genç bir doku olması, burada sentezletilen proteinlerin metallarle komplex oluşturarak modifikasyonları sonucu fonksiyonel olabilmesi, bu dokudaki iyon bağlayıcı transkriptlerin yoğunluğunun daha çok *photosystem i p700 apoprotein a1* gibi fotosentez ile ilgili genlerden oluşması, bu dokudaki metal iyon bağlayıcı genlerin yoğunluğunu açıklayabilir. Ayrıca kasım kütüphanesinde ifadelendirilmeyen translasyon aktivitesinin yine bu dokuda trnaskritplerin sınıflandırılmasında kullanılması da hipotezimizi desteklemektedir.

Kasım kütüphanesinde ise iyon bağlama aktivitesi %17 çıkmıştır. Bu oran içinde metal ve ametal iyonlarının bağlanma yüzdesi birlikte verilmiştir ve daha çok serine hydroxymethyltransferase 4, soluble inorganic pyrophosphatase gibi genler iyon bağlama aktivitesi altında verilmiştir. Örneğin soluble inorganic pyrophosphatase geninin katalitik akktivitelerde görevli pirofosfatı iki fosfata dönüşütüren ve yapısına eklenen 4 Mg ile aktif hale gelen bir enzim olduğu bilinmektedir ve oluşan fosfat molekülünün de fosfolipitlerin yapısına katıldığı bilinmektedir (Mashaghi S. *et al*. 2013). Yine serine hydroxymetiltransferaz da katalitik aktivitesi olan ve Sphingolipid metabolizmasında kritik öneme sahip bir enzim olarak bilinmektedir (Hanada K. 2003). Dolayısıyla bitkinin yağ depolamasının arttığı Kasım ayında, hücrede gerçekleşecek yağ üretim mekanizmalarında ve üretilecek metabolitler için öncül konumda olan proteinlerin iyon bağlama aktivitesinde düzenlemeler olduğu sonucuna ulaşılabilir.

Kasım kütüphanesinde oksideredüktaz aktivitesini oluşturan transkriptlerin oranı %16, Temmuz kütüphanesinde oksideredüktaz aktivitesini oluşturan transkriptlerin oranı %8 olarak bulunmuştur. Temmuz kütüphanesinde oksideredüktaz aktivitesini oluşturan genlerin ise % 52'sinin fotosistem ile ilgili (photosystem ii protein d2 gibi), Kasım kütüphanesinde oksideredüktaz aktivitesini oluşturan genlerin %42,1 ' inin mitokondri (cythogrom oxidase) ile ilgili olduğu görülmüştür. Bu durum, daha önce de belirttiğimiz gibi genç dokuda daha çok gelişim ile ilgili aktivitelerin olduğunu, Kasım dokusunda ise üretim ve bunların taşınmasına bağlı enerji ihtiyacına göre dokular arasında aktivitelerde farklılık olabileceğini göstermektedir.

Temmuz kütüphanesinde ATP bağlayıcılar % 12 ile ifade edilirken Kasım kütüphanesinde bu başlık altında bir sonuç çıkmamıştır. ATP bağlayıcı genlerin ise hücre içindeki ve hücreler arasındaki zarlarda amino asit, şeker, yağ, protein gibi temel metabolik ürünlerin taşınmasında görevli oldukları bildirilmiştir (Goffeau, A. *et al*. 2011). Ayrıca yine Kasım kütüphanesinde kinaz aktivitesi ile ilgili bir gruplandırma oluşmamasına rağmen Temmuz kütüphanesinde %4 oranında bir kinaz aktivitesi mevcuttur. Kinazlar sinyal iletiminde görevli enzimlerdir. Nitekim bu transkript oranı da gelişmekte olan bir dokuda gerekli maddelerin iletiminde görevli bir sistem olduğunu akla getirmektedir.

Kasım kütüphanesinde nükleaz aktivitesi % 11 gibi yüksek bir oranda çıkarken, Temmuz kütüphanesinde bu başlık altında transkriptler sınıflandırılamamıştır. Nükleazlar ise nükleik asitleri kısmen veya tamamen parçalayan bir enzim tipidir ve gen regülasyonunda görevli oldukları bildirilmiştir (Nicholas H. *et al*. 1999). Bu nükleaz aktivitesi sonucu da Kasım kütüphanesinde gen susturma şeklinde bir takım regülasyonlar olabileceğini göstermektedir.

Temmuz kütüphanesinde kasım kütüphanesinden farklı olarak %8 elektron taşıyıcı aktivite çıkmıştır. Elekteron taşıma sisteminde bulunan enzimlerin kloroplast ve mitokondri organallerinde indirgenme ve yükseltme tepkimelerinde kullanıldıkları bilinmektedir (Murray, R.K. 2003). Aynı zamanda bu dokuda %7 Klorofil bağlayıcı aktivite çıkmıştır. Bu sistem fotosentezde ışık toplayıcı kompleks olarak bilinmekte ve chhlorophyl a/b proteinlerinden oluşmaktadır. Örneğin fotosistem II için iki adet klorofil a proteinine ihtiyaç olduğu ve bu proteinin ışığı absorbe etmesiyle elektron taşıyıcılara bir elektronun geçtiği bildirilmiştir (Liu X.D., *et al.* 2004). Tüm bu bulgular genç doku gelişiminde fotosentez reaksiyonlarının önemli olduğu fikrini akla getirmektedir.

5.3.3 Kütüphaneleri oluşturan transkriplerin hücresel işlev anotasyonlarına göre değerlendirilmesi

Temmuz ve Kasım kütüphanelerinde ifade edilen transkriptlerin bulgular 5.17.4.3'de verilen hücresel işlev anotasyon sonucuna göre değerlendirmesi yapıldığında, en yüksek oranın Temmuz kütüphanesinde %34 ' lük oranla hücresel işleve ait olduğu, Kasım kütüphanesinde ise %32 'lik oranla biyolojik işleve ait olduğu görülmektedir. Hücresel işlev bir hücre içerisinde gerçekleşen fakat birden fazla hücre arasındaki iletişim ile oluşan işlevlerdir. Bu iletişim ile oluşan işlevlerin temelinde mikroçevresini doğru algılayan bir hücrenin kontrollü gelişimi, doku onarımı, iç dengesini sağlaması gibi etkinlikler yer almaktadır (Hislop JN, *et al.* 2009). Temmuz dokusunun gelişmekte olan bir doku olması bu transkript oranının bu kontrollü hücre ve doku gelişiminden kaynaklandığı ihtimalini akla getirmektedir. Biyolojik işlev ise organizmanın yaşamını

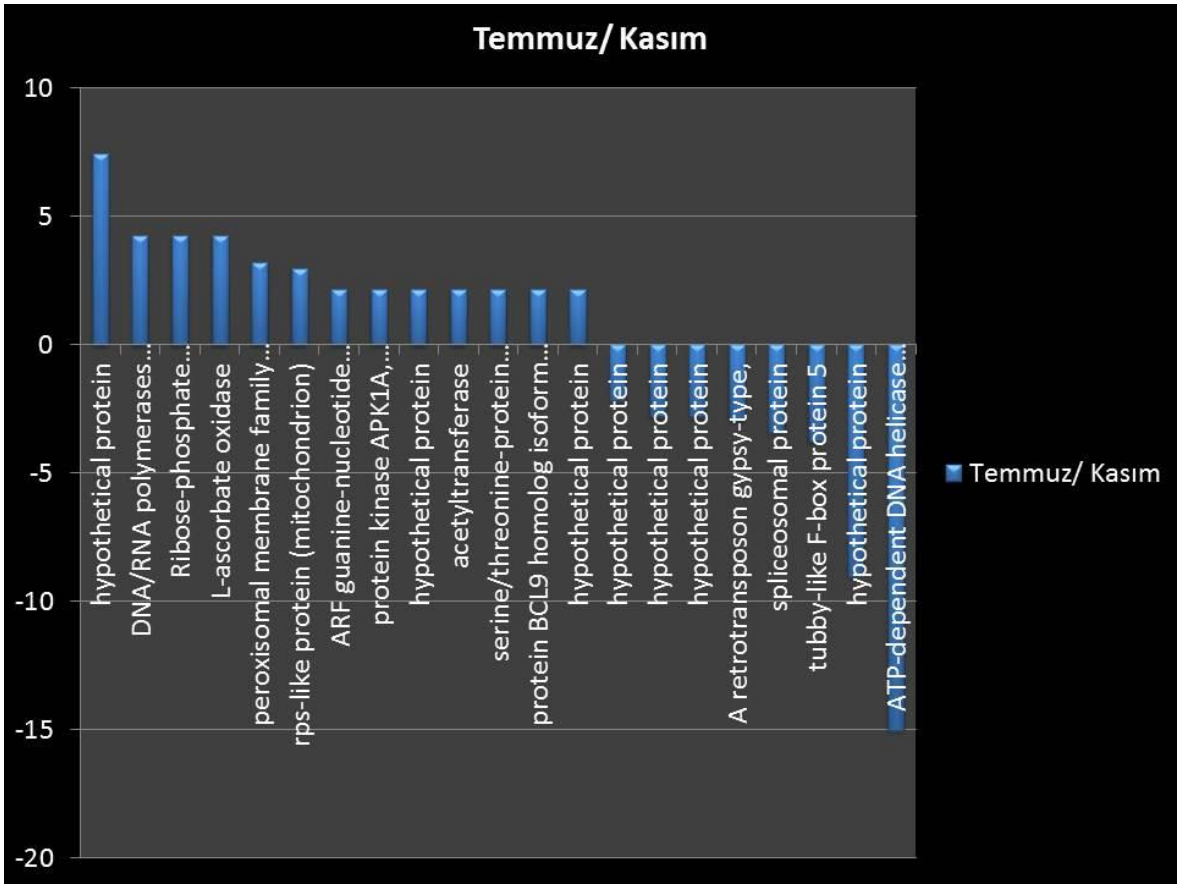
devam ettirebilmesi için gereken hayati işlemlerdir. Transformasyon sonucu oluşan veya herhangi bir kimyasal reaksiyon sonucu oluşan işlevleri kapsar ve gen ekspresyonları, protein modifikasyonları ve substratla olan ilişkisinin düzenlenmesi gibi birçok yolla gerçekleştirilir. Örnek olarak ise hücre farklılaşması, bir hücrede, bir organizmada ya da bir durum veya aktivitede gerçekleşen değişiklikler verilebilir. Bu durum olgun doku evresinde bulunan Kasım kütüphanesine ait transkriptlerin daha çok bu dokuda üretilen hücre için önemli yapıların kullanılabilir forma dönüşmesi veya yaşlanan dokuyu absisyon sürecine götüren değişikililer ile ilgili olabileceği düşüncesini akla getrimektedir.

Daha sonra ikinci olarak en yüksek oranda ifade edilen transkript sınıflandırmalarını değerlendirdiğimizde Temmuz kütüphanseinde metabolik işlevin %32' lik bir oranla, Kasım kütüphanesinde ise azot metabolizmasının %14' lük bir oranla bulunduğu belirlenmiştir. Bitki metabolizmasında fotosentez ve solunum olmak üzere iki temel işlev vardır. Bu işlevler de farklı oraganllerde metabolik yolaklarda bulunan enzimler ile kontrol edilmektedir (Rees T. and Hill S.A. 1994). Gelişen bir dokuda bu sınıflandırma dahilinde bulunan transkript oranının çok çıkması beklenen bir durum olarak değerlendirilebilir. Azot metabolizmasında ise bitkide proteinlerin, nükleik asitlerin, birçok kofaktörün ve sekonder metabolitlerin yapısını oluşturan azotun belirli metabolik yolaklarla kullanılmasıdır. Aynı zamanda azotun bazı genleri indüklediği ve bu durumunda hızlı yaşlanmayı tetiklediği bildirilmiştir (Secheible W.R. *et al*. 2004). Hatta kloroplast mezofiliinde % 75 oranında azot olduğu, hızlı yaşlanmanın başladığı ilk aşamada kloroplast proteinleri yıkılmaya başladığında serbest kalan aminoasitlerin hücrenin büyüyen kısımlarını ihraç etttiği bildirilmiştir. Böylece Rubisco ve stromal enzimlerin, plastidal protein hidrolozlarının da işe karışmasıyla parçalanmaya başlayan kloroplast dokusunda degrede oldukları da bilinmektedir. (Hörtensteiner F. and Feller U. 2001). Kasım dokusu da doku yaşlanması ile başlayan absisyon olayının gerçekleştiği dönemdir. Bu dokuda azot metabolizmasında bulunan transkript yoğunluğunun yaşlanan doku hücrelerinde gerçekleşen değişikliklerden kaynaklandığı düşünülebilir.

5.3.4 Ortak ifade edilen genlerde farklılıkların değerlendirilmesi

Ham olan pedisel dokusunun olgunlaşarak absisyona uğraması sürecinde dokuda, sinyal iletim trafiğinde, hücre duvarını oluşturan genlerin ifade düzeyinde, Sterol/sphingolipid metabolizmasında ve hormanal seviyede bir dizi değişiklik gerçekleşmektedir (Gil-Amado J.A and Maria C., 2013). Bitkiler vejetatif büyüme, çiçeklenme ve yaşlanma gibi birçok farklı gelişim evreleri geçirerek ilerler. Bu gelişim evreleri ise endojen mekanizmalar ve ışık gibi çevresel sinyaller ile kontrol edilir (Elliss C.M *et a.l* 2010).

Temmuz ve Kasım ayına ait pedisel dokularında bazı genlerin ifade seviyelerinde değişiklikler belirlenmiştir ve bu değişiklikler aşağıda Şekil 5.3.4' de ve Çizelge 4.17.4.3'de verilmiştir.



Şekil 5.3.4. 1 Temmuz ve Kasım ayına ait pedisel dokularında ortak ifade edilen genlerin seviyelerine göre farklılıkları

Temmuz ayına ait kütüphanede Kasım ayına ait kütüphanedeki transkriptlere kıyasla ifade seviyesi artan genlerin başında yedi katlık bir artışla hypothetical protein gelmektedir. Aynı zamanda Kasım kütüphanesinde ifade seviyesi artan genlere baktığımızda ise yine birçok hypothetical proteinin ifade seviyesinin Temmuz kütüphansine göre arttığı görülmektedir. Bu sonuçta bize dokularda gen regülasyonunda düzenlemelerin olduğunu, ancak zeytin genom bilgisi tam olarak aydınlatılamadığı için bu genlerin henüz işlevlerinin bilinmediğini göstermiştir. Aynı zamanda zeytin genomunda bulunan genlerin tanımlanıp fonksiyonlarının belirlenmesi için kurulan uluslararası zeytin genom projesinin önemi de bir kez daha anlaşılmıştır.

Temmuz kütüphanesinde Kasım kütüphanesine oranla daha fazla ifade edildiği belirlene diğer genlerin fonksiyonlarından bahsetmek gerekirse; DNA/RNA polimeraz protein replikasyon, DNA tamiri ve transkripsiyondan sorumlu gendir. L-ascorbate oxidase oksidoredüktazdan sorumlu bir gendir. Mısırda yapılan bir çalışmada bu genin hücre büyümesini arttırdığı bildirilmiştir (Tullio M.D. *et al*. 2004). Aynı zamanda kabakta yapılan bir diğer çalışmada ascorbate oxidase artışının meyve gelişimini sağladığı bildirilmiştir (Kisu, Y *et al*. 1997). Ribose-phosphate pyrophosphokinase nükleotit sentezinde önemli bir enzim olarak bildirilmiştir (Rashid. N. et al. 1997). Peroxisomal membrane family proteinin peroksizomlar arasında taşıma yaptığı bilinmektedir. Peroksizomlar ise oksadatif enzimleri taşıyan farklı metabolik işlevleri, organizmanın metabolik ve gelişimsel aşamasına göre yapan tek zarlı yapılardır (Tugal B. *et el*. 1999). Yapılan bir diğer çalışmada peroksizomların enerji metabolizmasında, hücrede sinyal iletiminde ve bitki gelişiminde kilit rol aldığı üzerine yapılmıştır (Eubel H., *et al.* 2008). ARF guanine-nucleotide exchange factor GNL2 geni oksin hormonundan sorumlu genleri (ARF) aktive etmektedir. Oksin hormonunun yaşlanma ve absisyon ile iligli bazı genleri baskıladığı bilinmektedir (Elliss C.M *et a.l* 2010). Serine/threonine-protein kinase geninin hücrelerde çevreden gelen veya bitki hormonlarından kaynaklanan girdileri değerlendirerek metabolizma, gen ekspresyon değişiklikleri, hücre büyümsei ve bölünmesini etkileyen merkezi bir işlemci birimi gibi hareket ettiği bilinmektedir (Hardie D.G.1999).

Kasım kütüphanesinde Temmuz kütüphanesine göre ifade seviyesinde artış olduğu belirlenen tubby-like F-box proteinin Arabidopsiste yapılan bir çalışma ile ubiquitin aracılı proteoliz işlemlerine aracılık ettiği bildirilmiştir (Ping L.C. *et al*. 2004).

Kütüphaneler arasında ifade farklılığı olan genler ve görevlerine baktığımızda, Temmuz kütüphanesini oluşturan transkriptlerin daha çok gelişimle ilgili olduğu, Kasım kütüphanesindeki transkriptlerin ise doku yaşlanması ile ilgili olduğu sonucu çıkarılabilir.

5.4 Sadece Tek Bir Kütüphanede İfade Edildiği Belirlenen Genlerin Değerlendirilmesi

Her iki dokuya ait genler sınıflandırılırken ortak ifade edilen genlerin yanısıra sadece tek bir kütüphanede ifade edilen genler de belirlenmiştir. Çizelge 4.17.4.1 ‘ de sadece Temmuz pedisel dokusunda ifade edilen genler ve RPKM değerleri, Çizelge 4.17.4.2’ de ise sadece Kasım pedisel dokusunda ifade edilen genler ve RPKM değerleri verilmiştir. Her iki tabloda incelendiğinde tanımlanmammış farklı proteinlerin ifade seviyelerinde deüzenlemeler olduğu görülmektedir. Bunun yanısıra özellikle Temmuz pedisel dokusunda Kasım pedisel dokusuna oranla daha fazla ifade edilen retrotranspozonlara rastlanmaktadır. Bunlar genom içerisinde yer değiştirebilen hareketli elementelerdir ve bitki genomunun gelişiminde ve evriminde etkin rol oynadıkları bilinmektedir (Kumar A. and Bennetzen J., 1999). Bu durumda zeytin genomunun stabil değil değişken bir yapısı olduğu sonucunu göstermektedir.

Özellikle RPKM değeri yüksek ve tek bir kütüphaneye özgü olan bazı genlerin fonksiyonlarından bahsetmek gerekirse sadece Temmuz kütüphanesinde 43,11386436 RPKM değeri ile ifade edilen Lipoksigenaz 1 geni bulunmuştur. Lipoksigenazların oksilipin olarak adlandırılan hidroperoksi çoklu doymamış yağ asitlerinin ve metabolitlerinin üretiminden sorumlu bir enzim grubu olduğu bildirilmiştir. Lipid peroksidasyonu sonucu oluşan bu ürünlerin ise tüm biyolojik sistemlerde hem gelişimsel hem de çevresel olarak düzenlenen süreçlerde etkin kulllanıldığı

bilinmektedir. Lipoksigenazlar ise linoleik asit oksitlenme yerlerine göre sınıflandırılmışlardır. Bu sınıf içinde bulunan Lipoksigenaz 1 geninin keten tohumu, ayçiçeği gibi yağlı tohumlu bitkilerde yağ depolama ile ilgili yolakta görev aldığı belirlenmiştir (Liavonchanka A. and Feussner I., 2005). Yine 49,35015226 RPKM değeriyle sadece Temmuz kütüphanesinde ifade edildiği belirlenen beta-ketoacyl synthase protein ailesinin yağ asit biyosentezinde görevli gen ailesi olduğu bilinmektedir (Olsen J. G. *et al.* 2001). Yine bu kütüphanede 49,12634205 RPKM değeri ile belirlenen CBL-interacting serine/threonine-protein kinaz geni bulunmuştur. CBL genleri kalsiyum sensör proteini olarak bilinmektedir (Albrecht V. *et al*. 2001) . Hücrede kalsiyum iyonuna bağlı olarak oluşturulan sinyallerle etkileşen serine/threonine-protein kinaz genlerinin ise hücrelerde çevreden gelen veya bitki hormonlarından kaynaklanan girdileri değerlendirerek metabolizma, gen ekspresyon değişiklikleri, hücre büyümesi ve bölünmesini etkileyen merkezi bir işlemci birimi gibi hareket ettiği bilinmektedir (Hardie D.G.1999). 34,58975547 RPKM değeri ile belirlenen oligopeptit transporter geninin peptit taşınımında görevli olduğu ve bu taşınan peptidlerin ise bitki gelişiminde kullanıldığı bildirilmiştir (Koh S. *et al* 2002). Ayrıca B3 domain-containing transcription factor VRN1-like geni 43,41626622 RPKM değeri ile bulunmuştur. Bu genin büyüme ve gelişimde etkili bir hormon olan oksin hormonundan sorumlu ARF genlerine bağlanarak düzenleyici etki gösterdiği bildirilmiştir (Swaminathan K., *et al.* 2008). Fonksiyonları verilen genler değerlendirildiğinde sadece gelişmekte olan bir dokuya ait pedisel dokusunda ifade olduğu belilenen bu genlerin varlığı, bu dokuda meyve gelişiminin başladığı ilk aşamalardan itibaren meyvede yağın depo edilmeye başladığı, hem dokunun gelişiminde hem de meyvenin gelişiminde etkili proteinlerin sentezinde ve taşınımında önemli düzenlemelerin olduğu şeklinde değerlendirilebilmektedir.

Sadece Kasım pedisel dokusunda ifade edildiği belirlenen bazı genlerin fonksiyonlarından bahsetmek gerekirse 132,4833203 RPKM değeri ile zinc finger CCCH domain-containing protein 62 geni bulunmuştur. Zinc finger protein ailesi üyelerinin yapısal ve fonksiyonel çeşitliliği değerlendirilerek ERF, WRKY, DOF gibi üyelere sınıflandırılmıştır. CCCH zinc finger proteinleri de bu üyelerden biridir ve bu üyeyi oluşturan grup proteinleri tam olarak işlevsel olarak kategorize edilememiştir.

Ancak yapılan çalışmalar büyüme, gelişme ve stres ile ilgili genlerin ekspresyonlarından sorumlu olduklarını göstermiştir (Bogamuwa S. and Jang C., 2014). Yine 45,0236284 RPKM değeriyle sadece Kasım pedisel dokusunda ifade edildiği belirlenen subtilisin-like protease SBT1.7 geninin bir serin proteaz geni olduğu bilinmektedir. Serin proteazlar yüksek organizmalarda iyi karakterize edilmiş proteolitik enzim gruplarındandır ve programlanmış hücre ölümünde rol aldıkları belirlenmiştir (Figueiredo A. *et al* 2014). 39,7449961 RPKM değeriyle belirlenen polygalakturonaz genininin bitkide meyve olgunlaşmasında ve absisisyon sürecinde etkili olduğu bildirilmiştir (Hadfield A.K. and Bennet A.B., 1998). 62,98387361 RPKM değeriyle belirlenen gibberellin 2-beta-dioxygenase 2 geninin bitki fitohormon biyosentez yolağında ve sinyal iletiminde etkili bir gen olduğu bildirilmiştir. Bu fitohormonlar ise bitki hormonları olarak da bilinmektedir ve bitki gelişimini düzenlemektedirler. Gibberellin 2-beta-dioxygenase geninin bu hormonlardan etilen ve giberellin biyosentez yolağında görevli olduğu bildirilmiştir (Luo H. *et al* 2010) ve meyve olgunlaşması döneminde hücresel etilen artışının dökümü kolaylaştırdığı bilinmektedir (Brown K.M. 1997). 49,78854804 RPKM değeri ile bulunan sterol 14-demethylase geninin ise sterol biyosentezinde görevli olduğu bilinmektedir. Genellikle sentez yolağı endoplazmik retikulum ve mitokondri içinde yer almaktadır ve bu strerollerin bitkide membran akışkanlığını ve geçirgenliğini düzenlediği, dolaylı olarak bütün zar proteinlerini, enzimlerini, iyon kanallarını ve sinyal iletim yolaklarının bileşenlerini düzenleyen önemli aktivitelerde kullanıldığı bilinmektedir (Lepesheva G.I. and Waterman M.R, 2007). Sadece Kasım pedisel dokusunda ifade edildiği bulunan genlerin fonksiyonları değerlendirildiğinde, absisyonun oluşabilmesi için bu hücrelerde doku yaşlanmasına ve programlı hücre ölümüne yönelik değişikler için gen düzenlemelerinin olduğu, buna bağlı olarak da hücre içerisinde etilen artışı gibi hormonal değişikliklerin gerçekleştiği sonucunu değerlendirebiliriz. Aynı zamanda meyve olgunlaşmasına yönelik hücrede meydanan gelen değişiklikleri ve diğer hücrelerden gelen mesajları değerlendirmek üzere sinyal iletim sistemindeki düzenlemelerin olduğu sonucunu da değerlendirmek mümkündür.

Ancak yapılan transkriptom çalışması her iki doku içinde ifade edilen transkript havuzundaki tüm transkriptleri kapsayamadığı için, tek bir dokuda ifade edildiği belirlenen genlerin sadece o dokuya ait olduğu sonucunu çıkarmamızı mümkün kılmamaktadır. Diğer dokuda ifade edilmediği bulunan genin, transkript havuzunda bulunduğu halde yakalanamamış olma olasılığı mevcuttur.

5.5 Blast Sonuçlarına Göre Organizmalar Arasındaki Benzerlik Durumunun Değerlendirilmesi

Transkriptlerin yapılan blast analiz sonuçlarına göre organizmalar arasındaki benzerlik dağılımları Ek 10 ‘ da verildiği üzere değerlendirildiğinde, en çok susama (*Sesamum indicum*) benzediği bulunmuştur. Bu sonuçlar konsörsiyum kapsamında dizilenen Ayvalık genomuna ait filogenetik analiz sonucuyla da benzer çıkmıştır. Bu değerlendirme okuma derinliğimizin yeterli olduğunu göstermekle birlikte zeytin bitkisi ile yapılan anotasyon çalışmalarında susam genom bilgisinden de yararlanabileceğimizi göstermektedir. Nitekim susam bitkisinin genom çalışması tamamlanmış ve anotasyonları yapılmıştır. Genlerine ait bilgiler ise literatüre sunulmuştur.

5.6 Gerçek Zamanlı PZR Analiz Sonuçlarının Değerlendirilmesi

Son olarak transkriptom dizileme çalışması sonucunda kütüphanelerde farklı ifade edilen genlerin doğrulama çalışması için Çizelge 4.18.5.1’ de verildiği üzere 10 tane gen belirlenmiştir. Bu genler belirlenirken literatür çalışması yapılmıştır ve her iki kütüphene için de anlamlı olabileceği düşünülen genler seçilmiştir. literatür taramasıyla Temmuz pedisel dokusunda daha fazla ifade edildiği bulunan genlerin gelişim ve taşınım ile ilgili fonkasiyonlara sahip olması, Kasım pedisel dokusunda fazla ifade edildiği belirlenen genlerin ise daha çok doku yaşlanmasına bağlı olarak protein degredasyonu, taşınım ve mitokondri ile ilgili fonksiyonlara sahip olmalarına dikkat edilmiştir.

Temmuz pedisel dokusunda Kasım pedisel dokusuna göre daha fazla ifade edildiği belirlenen transkriptler *beta tubulin, transport membrane, 14-3-3, nad1, ethylene intensive 3* ve *acyl* (carrier protein) genleridir. Yapılan literatür çalışmasında *beta tubulin* geninin mitotik hücre döngüsünde etkili olduğu ve mikrotübül organizasyonun sağladığı, bu organizasyonun ise bitki gelişiminde etkili olduğu bildirilmiştir (Snustad P.D. *et al.* 1992). *Transport membran* geninin iyonların, küçük ve büyük moleküllerin taşınımında etkili olduğu bilinmektedir. Bu taşınımın ise gelişim boyunca çevresiyle iletişim halinde olan hücrenin, hücre içierisinde ve hücreler arasındaki iletişim trafiğinde etkin rol aldığı bildirilmiştir (Geldner N. *et al.* 2003) *Ethylene intensive 3* geni meyve gelişiminde etkili, etilen hormonunun regülasyonundan sorumlu olan ikincil düzenleyici gen olarak bilinmektedir (Liu M. 2013) . *Nad1* geniyle ilgili Arabidopsiste yapılan bir çalışmada bu genin degrede edilmesi sonucu bitki ve tohum gelişiminde ciddi kusurlar oluştuğu belirlenmiştir (Longevialle A.F. et al. 2007). *14-3-3* sinyal geni olarak bilinmektedir. Kinaz, fosfataz, transmembran reseptörlerine bağlanma bölgesi içermekte ve protein protein etkileşimlerine özgü *14-3-3* izoformları olduğu da bilinmektedir (Roberts MR *et al.* 2002). Bu formlara göre de birincil metabolizma, büyüme, sinyal iletimi, hormonal düzenleme gibi çeşitli yolaklarda görev aldıkları bilinmektedir (Denison FC. *et al*. 2011). Ayrıca *acyl* (carrier protein) geninin fatty asit metabolizmasında görevli olduğu ve oleik asitin bu reaksiyonda forma girip taşındığı bilinmektedir (Suh M.C. *et al*. 1999).

Kasım pedisel dokusunda Temmuz pedisel dokusuna göre daha fazla ifade edildiği belirlenen genler ise *atpF, clp protease, sdh3, ABC transporter B* family genleridir. *AtpF* geninin tilakoidi oluşturan proteini kodlayan genlerden biri olduğu bilinmektedir (Shinozaki K. *et al*. 1986). *Clp protease* geninin kloroplastta protein degredasyonundan sorumlu olduğu bildirilmiştir (Adrian K. 1999). *Sdh3* geninin mitokondride solunum zincirinde görevli iç zarda bulunan ve kompleks II' de elektron transferinde görev alan bir gen olarak bilinmektedir (Gebert N. *et al*. 2011). *ABC transporter B* family genlerinin plastidlerde lipit oluşumunda ve tohuma taşınmasında etkili bir transkripsiyonfaktör ailesi olduğu bildirilmiştir (Kang J. et al. 2011).

Bu genlerin gerçek zamanlı PZR analizleri yapıldığında *atpF*, *Acyl*, *Ethylene Intensive 3*, *clp protease*, *sdh3*, *Transport Membrane*, *Nad1* genlerinin transkriptom soncunu doğruladığı, ancak *Beta Tubulin*, *14_3_3*, *ABC transporter B* genlerinin transkriptom sonucunu doğrulamadığı bulunmuştur. Bunun nedeni olarak Kasım kütüphanesindeki transkriptlerin okuma sayısının, Temmuz kütüphanesinden daha az olması ya da her iki kütüphane de okuma derinliğinin tüm transkript havuzundaki ifade edilen transkriptleri kapsayamadığı için bazı genlerin yakalanamamış olması ihtimali olarak değerlendirilebilir. Ancak %70 oranında bir doğrulama olması transkriptom çalışmasında okuma derinliğimizin yeterli olduğunu gösteren diğer bir durum olarak değerlendirilebilir.

5.7 Sonuç

Bu tez çalışmasında zeytin (*Olea europea* L.*cv*. Ayvalık) bitkisinde ham (Temmuz ayına ait) ve olgun (Kasım ayına ait) pedisel dokularında yeni nesil dizileme teknojisi kullanılarak transkriptom dizilemesi yapılmıştır. Her iki kütüphaneye ait veriler karşılaştırıldığında ham pedisel dokusunda daha çok gelişim ve taşınım ile ilgili genler yoğunlukla ifade edilirken, olgun pedisel dokusunda ise taşınım ile ilgili genlerin yanı absisyona bağlı olarak doku yaşlanması ile ilgili genlerin ifadelerinde düzenlemer olduğu belirlenmiştir. Ancak zeytin genom bilgisi henüz tamamlanamadığı için bazı genler ve yolaklarının belirlenmesi yetersiz kalmıştır. Çıkan veriler daha sonra konsörsiyum kapsamında elde edilecek zeytin genom bilgisi ile tekrar değerlendirildiğinde çok daha anlamlı hale gelecektir.

KAYNAKLAR

Adrıan, K. 1999. ATP-dependent Clp Proteases in Photosynthetic Organisms— A Cut Above the Rest!. Annals of Botany 83, 593–599.

Aharoni, A. and Vorst, O. 2001. DNA microarrays for functional plant genomics. Plant Mol. Biol. 48, 99-118.

Alagna, F., D'Agostino, N., Torchia, L., Servili, M., Rao, R., Pietrella, M., Giuliano, G., Chiusano, M.L., Baldoni, L. and Perrotta G. 2009. Comparative 454 pyrosequencing of transcripts from two olive genotypes during fruit development. BMC Genomics, 10, 399.

Alba, V., Sabetta, W., Blanco, A., Pasqualone, A. and Montemurro, C. 2009. Microsatellite markers to identify specific alleles in DNA extracted from monovarietal virgin olive oils, European Food Research Technology, 229, 375-382.

Albrecht, V., Ritz, O., Linder, S., Harter, K. and Kudla, J. 2001. The NAF Domain Defines a noval protein – protein interaction modüle conserved in Ca –regulated kinases. The EMBO journal, 5,1051-1063.

Andreou, A. and Feussner, I. 2009. Lypoxygenases – Structure and reaction mechanism. Phytochemistry, 70, 1504-1510.

Ayed, R.B., Grati-Kamoun, N., Moreau, F. and Rebaı, A. 2009. Comparative study of microsatellite profiles of DNA from oil and leaves of two Tunisian olive cultivars. European Food Research Technology, 229, 757-762.

Baldoni, L., Tosti, N., Ricciolini, C., Belaj, A., Arcioni, S., Pannelli, G., Germana, M.A., Mulas, M. and Porceddu, A. 2006. Genetic structure of wild and cultivated olives in the central Mediterranean basin. Annals of Botany, 98, 935-942.

Benjamin, K. and Pullman, W A. 2014. Genomic Aproach to Understanding Pedicel Fruit Abcission on Sweet Chery, Washington State University.10-15

Besnard, G., Gren, PS. and Berville, A. 2002. The genus Olea: molecular approaches of its structure and relationships to other Oleaceae, Acta Botanica Gallica, 149, 49-66.

Besnard, G., Hernández, P., Khadari, B., Dorado, G. and Savolainen, V. 2011. Genomic profiling of plastid DNA variation in the Mediterranean olive tree. BMC Plant Biology, 1471-2229,11/80

Besnard, G., Rubio, C.R. and Vargas, P. 2007. Plastid and nuclear DNA polymorphism reveals historical processes of isolation and reticulation in the olive tree complex (Olea europaea). Journal of Biogeography, 34, 736-752.

Bittner, M., Chenv, M.P., and Trent J. M. 1999. Expression profiling using cDNA microarrays. Nature Gen. Suppl. 21, 10- 14

Bogamuwa, S., and Jang, C. 2014. Tandem CCCH Zinc Finger Proteins in Plant Growth, Development and Stress Response. Plant Cell Physiol. 55(8), 1367–1375.

Castellarin, S.D., Greg, A. Gambetta, Hiroshi W., Ken, A. Shackel, and Mark, A. Matthews. 2011. Fruit ripening in Vitis vinifera: spatiotemporal relationships among turgor, sugar accumulation, and anthocyanin biosynthesis, 150, 1-10

Conde, C., Delrot, S. and Gerós, H. 2008. Physiological, biochemical and molecular changes occurring during olive development and ripening. Journal of Plant Physiology, 165, 1545-1562.

Conesa, A., G¨otz, S., Garc´ıa-G´omez, J. M., Terol, J., Tal´on, M., and Robles, M. 2005. Blast2go: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. Bioinformatics, 21(18),3674–3676.

Denison, F.C., Paul, A.L, Zupanska, A.K, and Ferl, R.J. 2011. 14-3-3 proteins in plant physiology. Semin Cell Dev Biol. 22(7), 720-7.

Donaire, L., Pedrola, L., de la Rosa R. and Llave, C. 2011. High-Throughput Sequencing of RNA Silencing-Associated Small RNAs in Olive (Olea europaea L.). PLoS One, 6(11), e27916.

Dundar, E., Suakar, O., Unver, T. 2012. Isolation and Expression Analysis of cDNAs that are Associated with Alternate Bearing in Olive (Olea europaea L. submitted. BMC Genomics, 1471-2164, 14-219

Düzgün, A., Alaçam, H. and Okuyucu, A. 2012. Endoplazmik retikulum stresi ve katlanmamış protein cevabı. Journal of Experimental and clinical medicine. 29, 95-100

El, SN. and Karakaya, S. 2009. Olive tree (Olea europaea) leaves: potential beneficial effects on human health, Nutrition Reviews, 67(11), 632-638.

Ercisli, S., Ipek, A. and Barut, E. 2011. SSR Marker-Based DNA Fingerprinting and Cultivar Identification of Olives (Olea europaea), Biochemical Genetics, 49, 555-561.

Eubel, H., Etienne, H.M., Nicolas, L.T, John, D.B., Nicholas ,O., Joshua, L.H., Ian, C., Ian, D.S., Steven, M.S. and Harvey, M. 2008. Novel Proteins, Putative Membrane Transporters, and an Integrated Metabolic Network Are Revealed by Quantitative Proteomic Analysis of Arabidopsis Cell Culture PeroxisomesPlant Physiology,148(4), 1809-1829.

FAO, www.fao.org.tr (Erişim Tarihi: 06.10.2008)

Fedeli, E. 1977. Lipids of olives, Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids, 15, 57-74

Figueiredo, A., Monteiro, F., and Sebastiana M. 2014. Subtilisin-like proteases in plant–pathogen recognition and immune priming: a perspective. Plant Science, 5, 1-739.

G¨otz, S., Garcia, G., Terol, M.J., Williams, T., Nagaraj, S.H., Nueda, M. J., Robles, M., Talon, M., Dopazo, J., and Conesa, A. 2008. High-throughput functional annotation and data mining with the blast2go suite. Nucl. Acids Reserch, 36(10), 3420-3435.

Galla, G., Barcaccia, G., Ramina, A., Collani, S., Alagna, F., Baldoni, L., Cultrera, N.G.M., Martinelli, F., Sebastiani, L., Tonutti, P. 2009. Computational annotation of genes differentially expressed along olive fruit development. BMC Plant Biology, 9(128), 1471-2229.

Gebert, N., Michael, G., Silke, O., Karina, M., David, A., Stroud, B., Kulawiak, C.W., Rene´ P, Z., Pavel, D., Sebastian, W., Oliver, S., Agnes, S.S., Kaye, N., Truscott, A. S., Peter, R., Bernard, G., Carola, H., Bettina, W., Martin, L., Nikolaus P., and Nils W. 2011. Dual Function of Sdh3 in the Respiratory Chain and TIM22 Protein Translocase of the Mitochondrial Inner Membrane. Molecular Cell, 44, 811–818.

Gehrig, H.H., Winter, K., Cushman, J., Borland, A., T. Taybi. 2012. An improved RNA isolation method for succulent plant species rich in polyphenols and polysaccharides. Plant Molecular Biology, 18(4), 369-376.

Geldner, N., Anders, N., Wolters, H., Keicher, J., Kornberge, W., Mulle, P., Delbarre, A., Ueda, T., Nakano, A. and Jurgends, G., 2003. The *Arabidopsis* GNOM ARF-GEF Mediates Endosomal Recycling, Auxin Transport, and Auxin-Dependent Plant Growth. Cell, ,112, 219–230.

Gill, CI., Boyd, A., McDermott, E., McCann, M., Servili, M., Selvaggini, R., Taticchi, A., Esposto, S., Montedoro, G., McGlynn, H., Rowland, I. 2005. Potential anti-cancer effects of virgin olive oil phenols on colorectal carcinogenesis models in vitro. International Journal of Cancer, 117(1), 1-7.

Goffeau, A., Hertogh B., and Baret, P.V. 2004. ABC Transporters. In:Encyclopedia of Biological Chemistry,1, 1–5.

Gomez-Jimenez, M.C., Paredes, M.A., Gallardo, M. and Sanchez-Calle, I.M. 2010. Mature fruit abscission is associated with up-regulation of polyaminemetabolism in the olive abscission zone. Journal of Plant Physiology 167, 1432-144

Gündoğdu AK and Karahan AG. 2008. Nutrigenomik Teknolojileri. SDÜ Mühendislik Mimarlık Fakültesi Dergisi, 33 (4),183-191.

Haas, B.J., and Zody, M.C. Advancing RNA-Seq analysis Nature Biotechnology .2010.

Hadfield, A.K. and Bennet, A.B. 1998. Polygalacturonases: Many Genes in Search of a Function. Plant Physiology, 117(2), 337-343.

Hanada, K. 2003. Serine palmitoyltransferase, a key enzyme of sphingolipid metabolism. Elsevier. 1388-1981/03.

Hardie, D.G.1999. PLANT PROTEIN SERINE/THREONINE KINASES: Classification and Functions. Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology, 50, 97-131.

Hawkins, R.D., Hon, G.C. and Ren, B. 2010. Next-generation genomics: An integrative approach. Nature Rev. Genet., 11, 476-486.

Hawkins, R.D., Hon, G.C., Ren, B. 2010. Next-generation genomics: An integrative approach. Nature Rev. Genet, 11, 476-486.

Hernández, M.L., Guschina, I.A., Martínez-Rivas, J.M., Mancha, M., Harwood, J.L. 2008. The utilization and desaturation of oleate and linoleate during glycerolipid biosynthesis in olive (Olea europaea L.) callus cultures. Journal of Experimental Botany, 59(9), 2425-2435.

Hickey, M.; King, C. (2001). The Cambridge Illustrated Glossary of Botanical Terms. Cambridge University Press

Hislop, J.N, Henry, A.G, Marchese, A., and Zastrow, M. 2009. "Ubiquitination Regulates Proteolytic Processing of G Protein-coupled Receptors after Their Sorting to Lysosomes". J Biol Chem 284 (29): 19361–70.

Hörtensteiner, F. and Feller, U. 2001. Nitrogen metabolism and remobilization during senescence. Journal of Experimental Botany, 53, 927-937

Hyung-Taeg, C. and Daniel J. 2000. Cosgrove Altered expression of expansin modulates leaf growth and pedicel abscission in Arabidopsis thaliana. PNAS, 97(17), 9783-9788.

ITO, http://www.ito.org.tr/Dokuman/Sektor/1-106.pdf (Erişim Tarihi: 17.01.2012)

Jack, C., Shannon and Dougherty, C.T. 1972. Movement of "C-glabeled Assimilates İnto Kernels of Zea Mays Invertase Actıvıty of the Pedıcel and Placento-Chalazal Tıssues. plant physiol, 49, 203-206

Johnson, L. 1957. A review of the family Oleaceae. Contr New South Wales Nat Herbar, 2: 397-418.

Jose, A., Gil-Amado and Maria, C., Gomez-Jimenez. 2013. Transcriptome analysis of mature-fruit abscission control in olive. Plant and Cell Physiology Advance Access. 3,179

Juliann, R., Seebauer, S. P., Moose, B.J., Fabbri, L.D., and Frederick E. B. 2004. Amino Acid Metabolism in Maize Earshoots. Implications for Assimilate Preconditioning and Nitrogen Signaling. Plant Physiology, 136, 4326–4334

Kang, J., Joohyun, K., Jiyoung, P., Hyunju, C., Burlab B., Tobias, K., Youngsook, L., and Enrico, M. 2011. Plant ABC Transporters. American Society of Plant Biologists. The Arabidopsis Book. 9, e0153.

Karakır, N. 1992. Zeytin üretimi, iklim ve toprak istekleri ile hasat şekilleri, Standart Dergisi, Yıl:31, Sayı:372, Ankara.

Kathleen, M.B.1997. Ethylene and abcission, physiol plant, 100, 567-576

Kim, M.Y., Lee, S., Van, K. 2010. Whole-genome sequencing and intensive analysis of the undomesticated soybean (Glycine soja Sieb. and Zucc.) genome. Proc Natl Acad Sci USA, 107(51), 22032-33037.

Kisu, Y., Harada, Y., Goto, M., Esaka, M. 1997. Cloning of the Pumpkin Ascorbate Oxidase Gene and Analysis of a Cis-Acting Region Involved in Induction by Auxin. Plant Cell Physiol, 38(5), 631-637.

Koh, S., Amy, M., Wiles, J.S., Sharp, F.R., Naider, J., Becker, M. and Gary, S. 2002. An Oligopeptide Transporter Gene Family in Arabidopsis. Plant Physiology, 128, 21–29

Kumar, A., and Bennetzen, J. 1999. Plant Retrotransposons. Annual Review of Genetics, 33, 479-532

Lebiedzinska, M., Szabadkai, G., Jones, A.W.E., Duszynski, J. and Wieckowski, M.R. 2009. "Interactions between the endoplasmic reticulum, mitochondria, plasma membrane and other subcellular organelles". Int J Biochem Cell Biol 41(10), 1805–16

Lepesheva, G.I. and Waterman M.R, 2007. Sterol 14α-Demethylase Cytochrome P450 (CYP51), a P450 in all Biological Kingdoms. Biochim Biophys Acta, 1770(3), 467–477.

Liavonchanka, A. and Feussner, I., 2005. Lipoxygenases: Occurrence, functions and catalysis. Journal of Plant Physiology, 163 (2006), 348—357

Liu, M. 2013. Functional characterization of Sl-ERF.B3, a member of the large multi-gene family of Ethylene Response Factor in tomato (Solanum lycopersicum. Institut National Polytechnique de Toulouse, 18-19.

Liu, X.D, Shen, YG. 2004. NaCl-induced phosphorylation of light harvesting chlorophyll a/b proteins in thylakoid membranes from the halotolerant green alga, Dunaliella salina. Europe PubMed Central, 569(1-3), 337-340.

Longevialle, A.F., Meyer, E.H., Andres, C., Taylor, N., Lurin, C., Millar, A. and Small, I. 2007. The Pentatricopeptide Repeat Gene *OTP43* Is Required for *trans*-Splicing of the Mitochondrial *nad1* Intron 1 in*Arabidopsis thaliana*. The Plant Cell 19(10), 3256-3265.

Luo, H., , Chao, S., Ying, L., Qiong, W., Jingyuan, S., Deli, W., Xiaocheng, J., Rongtao, L., and Shilin, C. 2010. Analysis of expressed sequence tags from the Huperzia serrata leaf for gene discovery in the areas of secondary metabolite biosynthesis and development regulation. Physiologia Plantarum, 139, 1–12.

Lyons, T.J. and Eide, D.J. 2006. Transport and storage of metal ions in biology. Chapter V., 1330-05,57-58.

ŞAHİN-ÇEVİK, M. 2005. Mikroarray Teknolojisi ve Bitkilerde Uygulama Alanları, Süleyman Demirel Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 9-3

Ozkaya, M.T., Ergulenb E., Ulgerc, S. and Ozilbey, N. 2014. Molecular, Morphological and Oil Composition Variability within Olive (Olea europaea L.) at Semi-Arid Conditions. Biotechnology & Biotechnological Equipment, 22(2), 699-704.

Mariotti, R., Cultrera, N.G.M., Muñoz D.C., Baldoni, L. and Rubini, A. 2010. Identification of new polymorphic regions and differentiation of cultivated olives (Olea europaea L.) through plastome sequence comparison, BMC Plant Biology, 10, 211.

Martins-Lopes, P., Gomes, S., Santos, E. And Gueded-Pinto, H. 2008. DNA markers for Portuguese olive oil fingerprinting. Journal of Agricultural Food Chemistry, 56(24), 11786-11791.

Mashaghi, S., Jadidi, T., Koenderink, G., Mashaghi, A. 2013. "Lipid Nanotechnology". Int. J. Mol. Sci.14, 4242–4282.

Me´rida, A.M., Juan, J., Gonza´lez, P., Andre´s C., Blanco, A.M., Maria, D.C., Garcıa, L., Jose, M., Pedrola, L., Sicardo, M.D., Hernandez, L.M., Rosa, R.D., Belaj, A., Gil-Borja, M., Luque, F., Martı´nez-Rivas, M.J., Pisano, D.G., Trelles, O.,Valpuesta, V., and Beuzo´n, C.R. 2013. De Novo Assembly and Functional Annotation of the Olive (Olea europaea) Transcriptome. DNA RESEARCH, 1–16.

Metzker, M.L. 2010. Sequencing Technologies The next generation. Nature Reviews Genetics,11(1), 31-46.

Ming-Fang, Q., Tao, X., Wei-Zhi, C., and Tian-lai, L. 2014. Ultrastructural Localization of Polygalacturonase in Ethylene-Stimulated Abscission of Tomato Pedicel Explants. Hindawi,389896, 1-9.

Montealegre, C., Alegre, M.L.M. and García-Ruiz, C. 2010. Traceability Markers to the Botanical Origin in Olive Oils. Journal of Agricultural Food Chemistry, 58, 28-38.

Moody, E.D. 2001. “Genomics techniques: An overview of methods for the study of gene expression” J. Anim. Sci., 79, 128-135.

Morales, M.T., Alonso, M.V., Rios, J.J. and Aparicio, R. 1995. Virgin olive oil aroma: relationship between volatile compounds and sensory attributes by chemometrics. Journal of Agricultural Food Chemistry, 43, 2925-2931.

Murray, R.K., Daryl, K.G., Peter, A.M., Victor, W.R. 2003. Harper's Illustrated Biochemistry. New York, NY: Lange Medical Books/ MgGraw Hill. p. 96. ISBN 0-07-121766-5

Muzzalupo, I., Macchione, B., Bucci, C., Stefanizzi, F., Perri, E., Chiapetta, A., Tagarelli, A. and Sindona, G. 2012. LOX Gene Transcript Accumulation in Olive (Olea europaea L.) Fruits at Different Stages ofMaturation: Relationship between Volatile Compounds, Environmental Factors, and Technological Treatments for Oil Extraction. The Scientific World Journal, 10.1100, 532179.

Muzzalupo, I., Stefanizzi, F., Perri, E. And Chiappetta, A.A. 2011. Transcript Levels of CHL P Gene, Antioxidants and Chlorophylls Contents in Olive (Olea europaea L.) Pericarps: A Comparative Study on Eleven Olive Cultivars Harvested in Two Ripening Stages. Plant Foods Human Nutrition, 66, 1-10.

Nakano, T., Fujisawa, M., Shima, Y. and Ito, Y. 2014. The AP2/ERF transcription factor SlERF52 functions in flower pedicel abscission in tomato. J Exp Bot. 65(12), 3111-9.

Nan, J.N., Ververis, K., Bollu, S., Rodd, A.L., Swarup, O. and Karagiannis, T.C. 2014. Biological effects of the olive polyphenol, hydroxytyrosol: An extra view from genome-wide transcriptome analysis . Hellenic Journal of Nuclear Medicine ,1, 62-69

Olsen, J.G., Kadziola, A. and Larsen, S. 2001. Structures of b-Ketoacyl-Acyl Carrier Protein Synthase I Complexed with Fatty Acids Elucidate its Catalytic Machinery. Elsevier Science. 9, 233–243.

Ozdemir O.N., Oruç, F., Sezerman, U., Kuçukural, A., Vural, K. S., Toksoz F. and Un C. 2010. Generation and Analysis of Expressed Sequence Tags from Olea europaea L. Comparative and Functional Genomics, 10.1155, 757512.

Öksüz, E. 1998. Ülkemizde Zeytin Hasat Mekanizasyon Düzeyi, Hasat Edilebilirlik Kriterleri ve Maliyetinin Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarım Makineleri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Adana.

Padilla, M.N., Hernández, M.L., Sanz, C. And Martínez-Rivas, J.M. 2009. Functional characterization of two 13-lipoxygenase genes from olive fruit in relation to the biosynthesis of volatile compounds of virgin olive oil. Journal of Agricultural Food Chemistry, 57, 9097-9107.

Pafundo, S., Agrimonti, C., Maestri, E., Marmiroli, N. 2007. Applicability of SCAR Markers to Food Genomics. Olive Oil Traceability, Journal of Agricultural Food Chemistry, 55(15), 6052–6059.

Pafundo, S., Agrimonti, C., Marmiroli, N. 2005. Traceability of plant contribution in olive oil by amplified fragment length polymorphisms. Journal of Agricultural Food Chemistry, 53(18), 6995-7002.

Pakrasi, H.B., Williams J.G., and Arntzen C.J.. 1988. Targeted mutagenesis of the psbE and psbF genes blocks photosynthetic electron transport: evidence for a functional role of cytochrome b559 in photosystem II. EMBO J. 7(2), 325–332.

Palmieri-Thiers, C., Canaan, S., Brunini, V., Lorenzi, V., Tomi, F., Desseyn, J.L., Garscha, U., Oliw, E.H., Berti, L. and Maury, J. 2009. A lipoxygenase with dual positional specificity is expressed in olives (Olea europaea L.) during ripening. Biochim. Biophys. Acta, 1791, 339-346.

Phılıp, R., Larson and John G. 1969. Leaf Development, Photosynthesis, and C^{14}Distribution in Populus deltoides Seedlings. American Journal of Botany. 56(9),1058-1066

Ping, L.C., Chang-Lung, L., Po-Hsuan, C., Shu-Hsing, W., Chien-Chih, Y., and Jei-Fu, S. 2004. Molecular Analyses of the Arabidopsis TUBBY-Like Protein Gene Family. Plant Physiol. 134(4), 1586–1597.

Ramli, U.S., Baker, D.S., Quant, P.A., Harwood, J.L. 2002. Control analysis of lipid biosynthesis in tissue cultures from oil crops shows that flux control is shared between fatty acid synthesis and lipid assembly. Biochemical Journal, 364, 393-401.

Rančić D., S. Pekić Q. and Pećinar I. 2010. Anatomy of tomato fruit and fruit pedicel during fruit development.ResearchGate, 851-858.

Rashid, N., Masaaki, M.,Tadayuki, I., 1997. Gene cloning and characterization of recombinant ribose phosphate pyrophosphokinase from a hyperthermophilic archaeon. ELSEVIER. 83(5), 412-418.

Reale, S., Doveri, S., Diaz, A., Angiolillo, A., Lucentini, L., Pilla, F., Martin, A., Donini, P. and Lee, D. 2006. SNP-based markers for discriminating olive (Olea europaea L.) cultivars. Genome, 49(9), 1193-1205.

Rees, T. and Hill, S.A. 1994 Metabolic control analysis of plant metabolism. Plant Cell Environ. 17, 587–599.

Rizzuto, R., Marchi, S., Bonora, M., Aguiari, P., Bononi, A., Stefani, D., Giorgi, C., Leo, S., Rimessi, A. 2009. "Ca^{2+}transfer from the ER to mitochondria: when, how and why". Biochim Biophys Acta 1787 (11): 1342–51.

Roberts, M.R., Bruxelles, G.L.2002. Plant 14-3-3 protein families: evidence for isoform-specific functions?. Biochem Soc Trans. 30(4), 373-8.

Romero-Segura, C., Sanz, C. And Perez, A.G. 2009. Purification and characterization of an olive fruit beta-glucosidase involved in the biosynthesis of virgin olive oil phenolics. Journal of Agricultural Food Chemistry, 57(17), 7983-7988.

Rounsley, S., Marri, P.R., Yu, Y., He, R., Sisneros, N., Goicoechea, JL., Lee SJ., Angelova A., Kudrna, D., Luo, M., Affourtit, J., Desany, B., Knight, J., Niazi, F., Egholm, M. and Wing, R.A. 2009. De novo Next Generation Sequencing of Plant Genomes. Rice, 2, 35-43.

Rounsley, S., Marri, P.R., Yu, Y., He, R., Sisneros, N., Goicoechea, J.L., Lee, S.J., Angelova, A., Kudrna, D., Luo, M., Affourtit, J., Desany, B., Knight, J., Niazi, F., Egholm, M. and Wing, RA. 2009. De novo Next Generation Sequencing of Plant Genomes, Rice, 2, 35-43.

Sakouhi, F., Saoussem, H., , Cristelle, A. , Khaled, S., Sadok, B., , Habib, K. 2008. Tocopherol and fatty acids contents of some Tunisian table olives (Olea europea L.): Changes in their composition during ripening and processing. ELSEVİER, 108(3), 833-839.

Salas, J.J., Williams, M., Harwood, J.L. and Sánchez, J. 1999. Lipoxygenase activity in olive (Olea europaea) fruit, Journal of the American Oil Chemists' Society, 76(10), 1163-1168.

Secheible, W.R. Rosa, M., Tomasz, C., Christina, F., Daniel, O., Natalia, P.R., Dana S., Oliver T., Michael. K.U. and Mark, S. 2004. Genome-Wide Reprogramming of Primary and Secondary Metabolism, Protein Synthesis, Cellular Growth Processes, and the Regulatory Infrastructure of Arabidopsis in Response to Nitrogen. Plant Physiolog 136, 2483-2499.

Sesli, M. and Yegenoglu, E.D. 2010. Determination of the genetic relationships between wild olive (Olea europaea oleaster) varieties grown in the Aegean region. Genetics and Molecular Research, 9(2), 884-890.

Shaul, O. 2002. Magnesium transport and function in plants: the tip of the aceberg. Biometals, 15, 309-323.

Shimon, L. 2007. Biennial bearing in olive (Olea europaea). Ser. Hist. Nat., 17(1), 101-112.

Shimon, M., Sonia, P.H., Srivignesh S., K.S., Vijay S., Shaul, B., Ron, O., Bettina K., Michael S. Reid, Cai-Zhong J. and Amnon L. 2011. Identification of defense-related genes newly associated with tomato flower abscission 6(4), 590-593.

Shinozaki, K., Ohme, M., Tanaka, M., Wakasugi, T., Hayashida, N., Matsubayashi, T., Zaita N., Chunwongse, C., Obokato, J. and Sugiura, M.. 1986. The complete nucleotide sequence of the tobacco chloroplast genome: its gene organization and expression. The EMBO Journal, 5(9), 2043-2049.

Simone, D.C., Greg, A., Gambetta, H.W., Ken, A., Shackel and Mark A. 2011. Matthews Fruit ripening in Vitis vinifera: spatiotemporal relationships among turgor, sugar accumulation, and anthocyanin biosynthesis. Journal of Experimental Botany, 1-10.

Snustad, P.D , Nancy, A. H., Steven, D. and Carolyn D.S. 1992. The Small Genome of Arabidopsis Contains at Least Nine Expressed P-Tubulin Genes. The Plant Cell, 4, 549-556.

Stekel, D.J., Git, Y. and Falciani, F. 2000. The comparison of gene expression from multiple cDNA libraries. Genome Research, 10, 2055-2061.

Suh, M.C., Schultz, D.J and Ohlrogge, J.B. 1999. Isoforms of acyl carrier protein involved in seed-specific fatty acid synthesis. Plant J, 17(6), 679-88

Sunitha, K., Qing, Y., Yinping, G. and Nian, W. 2012. RNA-seq and microarray complement each other in transkriptome profiling. BMC Genomics, 13(629), 1472-2164.

Swaminathan, K., , Kevin, P. and Thomas, J. 2008. The plant B3 superfamily. Elsevier. Trends in Plant Science, 13(12), 1360-1385.

T.C. Gümrük ve Ticaret Bakanlığı, Kooperatifçilik Genel Müdürlüğü 2012 yılı zeytin ve zeytinyağı raporu. Şubat 2013.

Tanılgana, K., Özcan, M.M and Ünver, A. 2007. Physical and chemical characteristics of five Turkish olive (Olea europea L.)varieties and their oils.

Thomine, S. and Lanquar, V. 2011. Iron transport and signaling in plants. Springer, 7, 99-131 .

Toshitsugu, N., Junji, K., Masaki, F., Mamiko, K., Nao, I., Hideo, M., and Yasuhiro, I. 2012. MACROCALYX and JOINTLESS Interact in the Transcriptional Regulation of Tomato Fruit Abscission Zone Development. Plant Phhysiology,158(1), 439-50.

Tripoli, E., Giammanco, M., Tabacchi, G., Di Majo D., Giammanco, S., La Guardia, M. 2005. The phenolic compounds of olive oil: structure, biological activity and beneficial effects on human health. Nutrition Research Reviews, 18, 98-112.

Tsung-Luo, J., Julie, M., Stone and John, C.W. 1999. HAESA an Arabidopsis leucine-rich repeat receptor kinase, controls floral organ abscission. GENES & DEVELOPMENT 14, 108–117.

Tugal, B. Pool, M., Baker, A. 1999. Arabidopsis 22-Kilodalton Peroxisomal Membrane Protein. Nucleotide Sequence Analysis and Biochemical Characterization, Plant Physiology 120, 309-320.

Tullio, M.C.D, R. Liso, O. Arrigoni. 2004. Ascorbic Acid Oxidase: An Enzyme in Search of a Role. Springer, 48(2), 161-16 .

Turhan, E. 2011. Bahce bitkilerinin fizyolojik esasları. Anadolu Universitesi, 245 s. Eskisehir.

Tuteja, N. and Mahajan S. 2007. Calcium Signaling Network in Plants. Plant Signal Behav. 2(2), 79–85.

Türktaş, M. Kurtoğlu, K.Y., Dorado, G., Zhang, B., Hernandez, P., Unver, T. 2014. Sequencing of plant genomes–a review. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 1-39.

Türktaş, M., İnal, B., Okay, S., Erkılıç, E.G., Dündar, E., Hernandez, P., Dorado, G. and Ünver, T. 2014. Nutrition Metabolism Plays an Important Role in the Alternate Bearing of the Olive Tree (Olea europaea L.). PLoS ONE 8(3), e59876.

Unver, T., Namuth-Covert, D. and Budak, H. 2009. Review of current methodological approaches for characterizing microRNAs in plants. Hindawi, 2009, 1-11.

Unver, T., Parmaksız, I. 2009. Computer based identification of conserved micro-RNAs and target transcripts in opium poppy (Papaver somniferum L). Springer. 29, 757-759.

Unver, T., Shearman, R.C., Bakar, M., Budak, H. 2009. miRNA plays a key role in foliar glyphosate application in Festuca arundinacea: evidence from miRNA and transcriptome profiling. Moleculer Genetics Genomics. 283(4), 397-413.

Vance, J.E. and Shiao, Y.J. 1996. "Intracellular trafficking of phospholipids: import of phosphatidylserine into mitochondria". Anticancer Research, 16(3B), 1333–9.

Visioli, F., Poli, A., Galli, C. 2002. Antioxidant and other biological activities of phenols from olives and olive oil. Medicinal Research Reviews 22, 65-75.

Wang, Z., Gerstein, M. and Snyder, M. 2009. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. Nat Rev Genet. 10(1), 57-63.

Weıss, H., Friedrich, T., Hofhaus, G., Preis, D., 1990. The respiratory chain NADH dehidrogenase complex (I) of mitokondria, Eur.J.biochem, 197, 563-576.

Wolf, J.B.W. 2013. Principles of transcriptome analysis and gene expression quantification: an RNA-seq tutorial. Molecular Ecology Resources, 13, 559–572

Wu, S.B., Collins, G. and Sedgley, M. 2004. A molecular linkage map of olive (Olea europaea L.) based on RAPD, microsatellite, and SCAR markers. Genome, 47(1), 26-35.

Xiang, W., Danmei, L., Aili, L.., Xiuli, S., Rongzhi, Z., Liang, W., Yanchun, L., Long, M. 2013. Transcriptome Analysis of Tomato Flower Pedicel Tissues Reveals Abscission Zone-Specific Modulation of Key Meristem Activity Genes. PLOS ONE, 8(2), e55238.

Xu, T., J.H., Li, M.F., Qi, S.S., Lv, X.H., Zuo, S., Gao, H. and Li, T . 2012. The effect of calcium on auxin depletion-induced tomato (Lycopersicon esculentum Mill.) pedicel abscission. African Journal of Biotechnology. 2012,1-20

Yang, L., Limin, P., Hai, H. and Lin, X. 2011. ATH1 and KNAT2 proteins act together in regulation of plant inflorescence architecture. J.Expt.Bot. 63(3), 1423-33.

Yanik, H., Turktas, M., Dündar, E., Hernandez, P., Dorado, G. and Unver, T. 2012. Genome-wide identification of alternate bearing-associated miRNA in the olive tree (Olea europaea L.) BMC Plant Biology. 1471-2229, 13(10)

ZAE, 2010. Web sitesi. www.zae.gov.tr/yetistirme/41.asp. Erisim Tarihi: 08.11.2010

Zhang, C., Kenji, T., Fumio, T., Kazuhiro, M., and Akira, Y. 2005. ^{13}C-photosynthate accumulation in Japanese pear fruit during the period of rapid fruit growth is limited by the sink strength of fruit rather than by the transport capacity of the pedicel. Journal of Experimental Botany, 56, 420, 2713–2719.

Zhong, W., Mark, G., and Michael, S. 2009. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics 10(1), 57–63.

Zohary, D. and Spiegel-Roy, P.1975. Beginnings of Fruit Growing in the Old World. Science, 187, 319-327.

EKLER

Ek 1: Temmuz Pedisel dokusunda blast2go sonuçlarına göre hücresel bileşenlerde yer alan transkriptler

	Apoplast					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
	Hücresel Bölüm					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00234	alg-2 interacting protein x	111	10	5.5E-13	99.4%	2
contig00145	ein3-binding f-box protein 1	364	10	2.3E-36	73.2%	2
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10
contig00522	probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 51	183	10	1.7E-26	89.4%	7
contig00541	ycf68 protein	153	10	2.6E-15	89.8%	4
contig00493	protein argonaute 1	167	10	8.6E-24	87.3%	3
	Kloroplast					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00116	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	144	10	1.6E-20	99.7%	8
contig00673	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large partial	330	10	4.9E-64	92%	7
contig00575	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	610	10	5.3E-106	84.6%	7
contig00377	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	243	10	8.6E-40	90.3%	7
contig00678	cytochrome b559 subunit alpha	258	10	2.3E-26	73.2%	6
contig00389	photosystem ii cp47 partial	727	10	1.8E-46	90%	6
contig00518	60s ribosomal protein l37-3	136	10	5.7E-22	###	6
contig00550	atpase plasma membrane-type-like	201	10	8.4E-18	81.8%	6
contig00081	auxin response factor 19-like	221	10	1.9E-27	83.9%	6
contig00580	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 isoform 3	208	10	2.7E-20	88.7%	6
contig00429	histidinol-phosphate chloroplastic-like isoform x1	111	10	5.9E-14	99.4%	5
contig00559	clathrin heavy chain 1-like	388	10	1.4E-40	89.3%	5
contig00089	glutamine synthetase	446	10	5.6E-13	96.7%	5
contig00314	rna polymerase beta chain	476	10	1.8E-51	70.8%	4
contig00091	glutamine synthase clone isoform 2	128	10	7.8E-22	###	4
contig00070	proline--trna ligase	122	10	4.1E-17	98.8%	4
contig00048	ribosomal protein partial	109	10	1.3E-15	98.8%	4

contig00636	photosystem ii protein partial	361	10	9.0E-77	97.6%	3
contig00108	cell wall-associated hydrolase	576	10	1.3E-26	88.1%	3
contig00504	cell wall-associated hydrolase	597	10	1.2E-56	89.7%	3
contig00385	cell wall-associated partial	499	10	1.6E-62	91.1%	3
contig00109	cell wall-associated partial	542	10	4.8E-64	93.4%	3
contig00125	cell wall-associated partial	###	10	2.2E-134	93.4%	3
contig00230	elongation factor 1-delta-like isoform x2	221	10	4.0E-10	95.7%	3
contig00603	ferric reduction oxidase 6-like	249	10	5.5E-39	91.1%	3
contig00236	cell wall-associated partial	290	5	1.3E-12	67.6%	3
contig00547	PsbA (chloroplast)	133	1	5.7E-13	85%	3
contig00351	acid phosphatase 1-like	170	10	1.1E-15	91.3%	2
contig00105	hypothetical protein VITISV_039385	228	10	1.1E-26	90.8%	1
contig00069	PREDICTED: uncharacterized protein At5g22580	406	10	8.1E-17	84.1%	1
contig00500	uncharacterised protein	156	10	3.0E-18	88.2%	1
contig00514	unknow protein	233	10	3.4E-45	97.2%	1
contig00409	unknow protein	373	10	4.4E-69	96.1%	1
contig00543	unknow protein	499	10	1.7E-79	96.6%	1
contig00412	polyubiquitin 3-like isoform x3	304	10	2.9E-43	86.8%	1
contig00357	PREDICTED: tetraspanin-19	108	10	8.8E-13	85.9%	1
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	###	16
contig00330	glucose-6-phosphate phosphate translocator-related	111	10	1.4E-12	97%	8
contig00685	23s ribosomal rna	309	10	7.4E-22	95%	6
	Tilakoid					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00330	glucose-6-phosphate phosphate translocator-related	111	10	1.4E-12	97%	8
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	###	16
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	###	10	0.0E0	99.4%	10
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9

contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00558	photosystem ii cp43 chlorophyll partial	455	10	9.4E-65	94.3%	8
contig00052	photosystem ii cp43 protein	333	10	4.8E-37	98%	8
contig00680	photosystem ii protein c	235	10	1.4E-27	97%	8
contig00254	atp synthase cf0 c chain	427	10	1.9E-30	80.4%	7
contig00639	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	233	10	1.6E-47	###	7
contig00535	chlorophyll a-b binding protein 1d	300	10	3.7E-43	###	6
contig00099	chloroplast chlorophyll a-b binding protein partial	113	10	1.7E-16	97%	6
contig00066	v-type proton atpase subunit a1-like	108	10	1.2E-16	###	6
contig00562	ycf9	277	10	2.6E-27	89.5%	5
contig00388	rna polymerase beta subunit	258	10	1.2E-37	96%	5
contig00425	phospholipase a-2-activating protein	130	10	2.0E-16	92.7%	2
contig00567	PREDICTED: galactokinase-like	163	10	7.0E-24	92.2%	5
contig00567	PREDICTED: galactokinase-like	163	10	7.0E-24	92.2%	5
contig00472	ref srpp-like protein at1g67360	336	10	4.0E-35	72.2%	2
contig00685	23s ribosomal rna	309	10	7.4E-22	95%	6
contig00429	histidinol-phosphate chloroplastic-like isoform x1	111	10	5.9E-14	99.4%	5
contig00106	23s ribosomal rna	223	10	9.2E-30	98.4%	4
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Stoplazma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00195	serine threonine-protein kinase tor	190	10	3.2E-18	80%	5
contig00281	beta- partial	256	10	1.4E-41	85%	8
contig00315	zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 5-like	234	10	1.1E-32	88.2%	7
contig00035	nadh dehydrogenase subunit 6	440	10	3.3E-61	91%	5
contig00072	proline--trna ligase	128	10	4.8E-20	99.1%	4
contig00071	proline--trna ligase	155	10	3.9E-28	###	4
contig00437	tubulin beta-8 chain-like	301	10	1.1E-23	68.9%	4
contig00448	hydroxymethylglutaryl- synthase isoform x4	123	10	8.6E-16	94.7%	4
contig00210	PREDICTED: uncharacterized protein LOC105953700	374	10	1.3E-70	88.4%	1
contig00592	leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	168	10	3.0E-27	96%	4
	Sitozol					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
contig00392	nadh--cytochrome b5 reductase 1-like	145	10	4.2E-17	89.8%	7

contig00462	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	455	10	1.1E-69	97%	7
contig00128	calcium-transporting atpase endoplasmic reticulum-type-like	234	10	3.3E-33	79%	5
contig00133	ftsh protease 1 isoform 2	164	10	2.1E-28	%100	4
contig00156	reticulon-like protein b9	190	10	7.7E-20	72.9%	2
contig00232	probable sugar phosphate phosphate translocator at5g25400	344	10	1.1E-35	74.5%	2
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
contig00268	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770 isoform x1	134	10	2.4E-20	97.6%	6
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Elektron Taşıyıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00247	snare-interacting protein keule-like	131	10	1.8E-11	82.6%	2
	Endoplazmik Retikulum					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00235	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c	433	10	1.3E-50	92.3%	7
contig00499	pin-like partial	160	10	2.8E-24	98%	2
contig00166	alpha-mannosidase 2x	264	10	2.6E-50	92.1%	7
	Endozom					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
contig00267	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	229	10	4.8E-18	81%	7
	Ökaryotik 43S Koompleks					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00280	beta- partial	124	10	1.0E-21	%100	7
	Ökaryotik 48S Koompleks					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00280	beta- partial	124	10	1.0E-21	%100	7
contig00602	ferric reduction oxidase 6-like	268	10	6.1E-21	76.7%	3
contig00280	beta- partial	124	10	1.0E-21	%100	7
	Golgi					
Referans	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Genomun Kontig Bilgisi						
contig00698	uncharacterized transporter ybr287w-like	201	10	2.1E-13	76.5%	2
contig00087	PREDICTED: uncharacterized protein LOC105157217 isoform X1	247	5	2.2E-7	62.2%	2
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
contig00267	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	229	10	4.8E-18	81%	7
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
	Zar					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	###	16
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00016	atp synthase subunit alpha	###	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	###	11
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	###	10	0.0E0	99.4%	10
contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9
contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00491	cytochrome b6	819	10	5.3E-88	78.8%	8
contig00330	glucose-6-phosphate phosphate translocator-related	111	10	1.4E-12	97%	8
contig00116	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	144	10	1.6E-20	99.7%	8
contig00111	atpase subunit 8	248	10	9.6E-18	94.4%	8
contig00029	nadh dehydrogenase subunit 2	529	10	4.2E-107	99.2%	8
contig00558	photosystem ii cp43 chlorophyll partial	455	10	9.4E-65	94.3%	8
contig00052	photosystem ii cp43 protein	333	10	4.8E-37	98%	8
contig00680	photosystem ii protein c	235	10	1.4E-27	97%	8
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
contig00254	atp synthase cf0 c chain	427	10	1.9E-30	80.4%	7
contig00639	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	233	10	1.6E-47	###	7
contig00166	alpha-mannosidase 2x	264	10	2.6E-50	92.1%	7

contig00585	beta- partial	151	10	1.7E-27	###	7
contig00073	apocytochrome partial	533	10	2.8E-87	84.7%	7
contig00535	chlorophyll a-b binding protein 1d	300	10	3.7E-43	###	6
contig00099	chloroplast chlorophyll a-b binding protein partial	113	10	1.7E-16	97%	6
contig00678	cytochrome b559 subunit alpha	258	10	2.3E-26	73.2%	6
contig00389	photosystem ii cp47 partial	727	10	1.8E-46	90%	6
contig00518	60s ribosomal protein l37-3	136	10	5.7E-22	%100	6
contig00550	atpase plasma membrane-type-like	201	10	8.4E-18	81.8%	6
contig00023	ribosomal protein s7	318	10	1.9E-35	86.8%	6
contig00046	ribosomal protein l16	439	10	3.8E-74	97.1%	6
contig00260	atp synthase cf0 a subunit	272	10	2.7E-38	%100	6
contig00066	v-type proton atpase subunit a1-like	108	10	1.2E-16	%100	6
contig00251	ubiquitin-conjugating enzyme e2 28-like	167	10	2.9E-24	97.1%	6
contig00172	codeine o-demethylase-like	125	10	1.4E-16	95.6%	6
contig00562	ycf9	277	10	2.6E-27	89.5%	5
contig00388	rna polymerase beta subunit	258	10	1.2E-37	96%	5
contig00511	elongation factor chloroplastic	446	10	1.0E-75	88.8%	5
contig00075	cysteine-histidine-rich c1 domain family protein	152	10	4.0E-20	87.4%	5
contig00146	mitochondrial outer membrane protein porin 1-like	218	10	1.5E-21	73%	5
contig00040	cytochrome c maturase subunit b	359	10	3.5E-41	99.4%	5
contig00371	ubiquitin	151	10	2.5E-27	%100	4
contig00337	BnaUnng00860D	476	10	7.7E-61	83.7%	4
contig00027	nadh dehydrogenase subunit partial	657	10	3.9E-107	91.9%	4
contig00634	ferric reduction oxidase 6-like	401	10	3.6E-21	77.7%	3
contig00165	monosaccharide-sensing protein 2	171	10	3.5E-23	86.5%	3
contig00597	probable inorganic phosphate transporter 1-9	235	10	3.8E-34	84%	3
contig00532	aquaporin pip2-2	181	10	1.6E-28	95.2%	3
contig00533	aquaporin pip2-7-like	252	10	2.3E-33	88.4%	3
contig00633	aquaporin-like partial	109	10	1.6E-14	98.5%	3
contig00329	triose phosphate translocator	113	10	1.4E-15	%100	3
contig00143	dnaj protein erdj2a-like isoform x1	421	10	2.5E-14	78.7%	3
contig00405	cytochrome b6	434	10	7.2E-32	63.1%	3
contig00629	adp atp carrier 3 isoform 1	329	10	2.6E-28	67.6%	2
contig00018	transport membrane protein	490	10	6.8E-75	86.5%	2
contig00423	ribosomal protein l10	458	10	1.3E-49	82.9%	2
contig00468	senescence-associated protein	322	10	6.7E-34	90.8%	1
contig00663	senescence-associated protein	836	10	9.7E-88	80.1%	1
contig00366	tetraspanin-2-like isoform x2	179	10	8.2E-26	88.3%	1
contig00038	cell wall-associated hydrolase	###	10	0.0E0	81.9%	1
contig00177	cell wall-associated partial	895	10	1.8E-80	89.8%	1
contig00129	ribosomal protein l5	366	10	2.8E-38	84.2%	4
contig00028	nadh dehydrogenase subunit	574	2	1.5E-15	87%	2

contig00260	atp synthase cf0 a subunit	272	10	2.7E-38	%100	6
	Hücre İçi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00690	cell wall-associated hydrolase	670	10	3.1E-73	82.4%	5
contig00305	protein nrt1 ptr family -like	353	10	1.6E-15	56.2%	5
contig00110	cytochrome c oxidase subunit partial	207	10	4.4E-12	74.5%	3
contig00386	metal transporter nramp5	982	10	1.8E-70	89.1%	3
	Zar					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00172	codeine o-demethylase-like	125	10	1.4E-16	95.6%	6
contig00429	histidinol-phosphate chloroplastic-like isoform x1	111	10	5.9E-14	99.4%	5
contig00024	nadh dehydrogenase subunit 5	219	10	1.5E-24	80.9%	5
contig00146	mitochondrial outer membrane protein porin 1-like	218	10	1.5E-21	73%	5
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
contig00413	cell wall-associated hydrolase	832	10	1.5E-82	88.7%	4
contig00386	metal transporter nramp5	982	10	1.8E-70	89.1%	3
contig00507	cell wall-associated partial	476	10	2.7E-56	81.3%	3
contig00505	cell wall-associated partial	520	10	2.2E-54	89.5%	3
contig00698	uncharacterized transporter ybr287w-like	201	10	2.1E-13	76.5%	2
contig00041	ribosomal protein l10	202	10	2.0E-16	92.7%	2
contig00022	m1040_arath ame: full=uncharacterized mitochondrial protein g01040 ame: full=orf107f	462	2	4.5E-9	73%	1
contig00402	c2h2-type zinc finger protein	187	2	8.5E-6	77%	1
contig00068	plastocyanin chloroplast	455	10	7.4E-34	73.2%	5
contig00499	pin-like partial	160	10	2.8E-24	98%	2
	Mikrotübül					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00281	beta- partial	256	10	1.4E-41	85%	8
contig00019	cytochrome c oxidase subunit 2	436	10	1.5E-54	99.6%	7
contig00121	atp synthase subunit partial	474	10	2.8E-105	99.7%	7
	Mitokondri					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13

contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00073	apocytochrome partial	533	10	2.8E-87	84.7%	7
contig00040	cytochrome c maturase subunit b	359	10	3.5E-41	99.4%	5
contig00129	ribosomal protein l5	366	10	2.8E-38	84.2%	4
contig00111	atpase subunit 8	248	10	9.6E-18	94.4%	8
contig00511	elongation factor chloroplastic	446	10	1.0E-75	88.8%	5
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	%100	11
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00016	atp synthase subunit alpha	###	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00029	nadh dehydrogenase subunit 2	529	10	4.2E-107	99.2%	8
contig00224	ribosome biogenesis protein bop1 homolog {eco:0000255	115	10	3.6E-14	96.4%	7
contig00192	probable protein phosphatase 2c 27	332	10	8.0E-50	95.1%	7
contig00081	auxin response factor 19-like	221	10	1.9E-27	83.9%	6
contig00580	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 isoform 3	208	10	2.7E-20	88.7%	6
contig00068	plastocyanin chloroplast	455	10	7.4E-34	73.2%	5
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
contig00662	auxin-induced protein 22d-like	399	10	2.1E-22	94.8%	5
contig00337	BnaUnng00860D	476	10	7.7E-61	83.7%	4
contig00048	ribosomal protein partial	109	10	1.3E-15	98.8%	4
contig00047	ribosomal protein partial	368	10	1.7E-50	88.5%	4
contig00015	nadh dehydrogenase subunit 9	704	10	1.3E-75	99.4%	4
contig00411	serine threonine protein phosphatase 2a 57 kda regulatory subunit b beta isoform-like	374	10	6.9E-57	86.5%	4
contig00106	23s ribosomal rna	223	10	9.2E-30	98.4%	4
contig00258	cell wall-associated partial	697	10	2.1E-50	89.1%	3
contig00676	metal transporter nramp5	691	10	9.0E-78	90.5%	3
contig00513	metal transporter nramp5	###	10	1.2E-117	86.9%	3
contig00012	nadh dehydrogenase subunit 2	191	10	6.5E-33	99.8%	3
contig00033	nadh dehydrogenase subunit 4	551	10	5.6E-89	97.3%	3
contig00627	bel1-like homeodomain protein 1	274	10	4.7E-26	82.2%	3
contig00469	protein ethylene insensitive 3-like	360	10	2.0E-74	95.8%	3
contig00487	photosystem ii protein l	410	7	3.7E-15	69.43%	3
contig00423	ribosomal protein l10	458	10	1.3E-49	82.9%	2
contig00581	photosystem ii p680 chlorophyll a apoprotein cp-47	703	10	2.9E-38	59.5%	2
contig00439	23s ribosomal rna	974	10	6.4E-62	85.9%	2
contig00300	cytochrome c biogenesis fc	113	10	9.6E-12	79.6%	1
contig00034	cytochrome c biogenesis fc	316	10	5.1E-59	90.9%	1
contig00026	orf3 gene product	117	10	1.2E-16	91.1%	1
contig00124	23s ribosomal rna	500	10	6.3E-31	92.6%	1

contig00313	heat shock protein 70	458	10	5.2E-85	93.8%	1
contig00471	ref srpp-like protein at1g67360	142	6	2.9E-8	79.5%	1
contig00516	hypothetical protein M569_00483, partial	439	2	4.1E-15	81%	1
contig00025	hypothetical protein (mitochondrion)	104	1	1.1E-7	83%	1
contig00130	ribosomal protein s14	146	1	1.5E-11	80%	1
	Çekirdek					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
contig00340	-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3	124	10	7.7E-20	98.2%	7
contig00541	ycf68 protein	153	10	2.6E-15	89.8%	4
contig00340	-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3	124	10	7.7E-20	98.2%	7
contig00134	ethylene-responsive transcription factor erf073	302	10	5.4E-12	78.2%	8
contig00315	zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 5-like	234	10	1.1E-32	88.2%	7
contig00462	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	455	10	1.1E-69	97%	7
contig00644	cytochrome b6-f complex subunit iv	202	10	2.5E-24	94%	6
contig00062	oxygen-evolving enhancer protein chloroplastic	314	10	2.8E-59	92%	6
contig00568	peroxiredoxin-2e- chloroplastic	403	10	1.0E-31	82.3%	6
contig00195	serine threonine-protein kinase tor	190	10	3.2E-18	80%	5
contig00433	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	153	10	1.0E-17	97.2%	5
contig00039	hypothetical protein M569_01740	199	8	3.6E-22	73.5%	5
contig00648	cell wall-associated hydrolase	296	10	6.7E-30	91.4%	3
contig00646	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	428	10	9.6E-40	72.4%	3
contig00163	long chain acyl- synthetase 4-like	125	10	1.4E-17	96.2%	3
contig00472	ref srpp-like protein at1g67360	336	10	4.0E-35	72.2%	2
	Fotosistem					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00550	atpase plasma membrane-type-like	201	10	8.4E-18	81.8%	6
contig00144	granule-bound starch synthase chloroplastic amyloplastic	338	10	2.2E-36	75.4%	3
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00116	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	144	10	1.6E-20	99.7%	8
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10

contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	###	10	0.0E0	99.4%	10
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9
contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00116	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	144	10	1.6E-20	99.7%	8
contig00558	photosystem ii cp43 chlorophyll partial	455	10	9.4E-65	94.3%	8
contig00052	photosystem ii cp43 protein	333	10	4.8E-37	98%	8
contig00680	photosystem ii protein c	235	10	1.4E-27	97%	8
contig00535	chlorophyll a-b binding protein 1d	300	10	3.7E-43	%100	6
contig00678	cytochrome b559 subunit alpha	258	10	2.3E-26	73.2%	6
contig00389	photosystem ii cp47 partial	727	10	1.8E-46	90%	6
contig00518	60s ribosomal protein l37-3	136	10	5.7E-22	%100	6
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
contig00260	atp synthase cf0 a subunit	272	10	2.7E-38	%100	6
contig00639	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	233	10	1.6E-47	%100	7
contig00562	ycf9	277	10	2.6E-27	89.5%	5
contig00388	rna polymerase beta subunit	258	10	1.2E-37	96%	5
contig00236	cell wall-associated partial	290	5	1.3E-12	67.6%	3
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
	Hücre Duvarı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00235	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c	433	10	1.3E-50	92.3%	7
contig00685	23s ribosomal rna	309	10	7.4E-22	95%	6
	Plazma Zarı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	###	11
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
contig00029	nadh dehydrogenase subunit 2	529	10	4.2E-107	99.2%	8
contig00235	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c	433	10	1.3E-50	92.3%	7
contig00462	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	455	10	1.1E-69	97%	7
contig00066	v-type proton atpase subunit a1-like	108	10	1.2E-16	%100	6
contig00371	ubiquitin	151	10	2.5E-27	%100	4
contig00337	BnaUnng00860D	476	10	7.7E-61	83.7%	4

	Plazmodezma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
contig00133	ftsh protease 1 isoform 2	164	10	2.1E-28	%100	4
contig00156	reticulon-like protein b9	190	10	7.7E-20	72.9%	2
contig00232	probable sugar phosphate phosphate translocator at5g25400	344	10	1.1E-35	74.5%	2
	Plastid					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
contig00029	nadh dehydrogenase subunit 2	529	10	4.2E-107	99.2%	8
contig00144	granule-bound starch synthase chloroplastic amyloplastic	338	10	2.2E-36	75.4%	3
contig00443	40s ribosomal protein s16-like	476	10	5.0E-83	89.6%	3
contig00452	40s ribosomal protein s6	243	10	3.0E-48	99.6%	3
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
	Protein Kompleks					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00340	-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3	124	10	7.7E-20	98.2%	7
contig00195	serine threonine-protein kinase tor	190	10	3.2E-18	80%	5
contig00592	leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	168	10	3.0E-27	96%	4
contig00335	40s ribosomal protein s27-2	658	10	1.6E-17	%100	4
contig00169	dead-box atp-dependent rna helicase 56 isoform x1	234	10	7.6E-33	%100	4
	Proton Taşıyan ATP Sentaz Kompleks					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00016	atp synthase subunit alpha	###	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00224	ribosome biogenesis protein bop1 homolog {eco:0000255	115	10	3.6E-14	96.4%	7
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00111	atpase subunit 8	248	10	9.6E-18	94.4%	8
contig00254	atp synthase cf0 c chain	427	10	1.9E-30	80.4%	7
contig00066	v-type proton atpase subunit a1-like	108	10	1.2E-16	%100	6
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
	Solunum Zinciri					

Referans Genomun Kontig Bilgisi	Gen Adı	Uzunluk	#Hits	e-Value	Benzerlik	#GO
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00073	apocytochrome partial	533	10	2.8E-87	84.7%	7
contig00511	elongation factor chloroplastic	446	10	1.0E-75	88.8%	5
contig00040	cytochrome c maturase subunit b	359	10	3.5E-41	99.4%	5
contig00662	auxin-induced protein 22d-like	399	10	2.1E-22	94.8%	5
contig00192	probable protein phosphatase 2c 27	332	10	8.0E-50	95.1%	7
contig00169	dead-box atp-dependent rna helicase 56 isoform x1	234	10	7.6E-33	%100	4
	Ribozom					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00016	atp synthase subunit alpha	###	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00580	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 isoform 3	208	10	2.7E-20	88.7%	6
contig00113	apyrase 2	148	10	1.0E-8	68.7%	6
contig00047	ribosomal protein partial	368	10	1.7E-50	88.5%	4
contig00015	nadh dehydrogenase subunit 9	704	10	1.3E-75	99.4%	4
contig00411	serine threonine protein phosphatase 2a 57 kda regulatory subunit b beta isoform-like	374	10	6.9E-57	86.5%	4
contig00396	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein f	224	10	1.4E-31	88.1%	4
contig00150	premnaspirodiene oxygenase-like	369	10	6.9E-23	66.5%	3
contig00104	palmitoyl-acyl carrier protein chloroplastic	150	10	8.7E-20	89%	3
contig00283	binding protein	154	10	2.1E-23	97.6%	2
contig00581	photosystem ii p680 chlorophyll a apoprotein cp-47	703	10	2.9E-38	59.5%	2
contig00439	23s ribosomal rna	974	10	6.4E-62	85.9%	2
contig00351	acid phosphatase 1-like	170	10	1.1E-15	91.3%	2
contig00368	heat shock protein hsp70- partial	271	10	1.4E-44	99.4%	1
contig00081	auxin response factor 19-like	221	10	1.9E-27	83.9%	6
contig00685	23s ribosomal rna	309	10	7.4E-22	95%	6
contig00429	histidinol-phosphate chloroplastic-like isoform x1	111	10	5.9E-14	99.4%	5
contig00106	23s ribosomal rna	223	10	9.2E-30	98.4%	4
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
contig00267	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	229	10	4.8E-18	81%	7
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
	vakuol					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10

contig00541	ycf68 protein	153	10	2.6E-15	89.8%	4
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
contig00251	ubiquitin-conjugating enzyme e2 28-like	167	10	2.9E-24	97.1%	6
contig00350	acid phosphatase 1-like	212	10	5.6E-25	75.9%	2
contig00233	hypothetical protein M569_00483, partial	179	2	9.6E-18	78%	1
contig00169	dead-box atp-dependent rna helicase 56 isoform x1	234	10	7.6E-33	%100	4

Ek 2: Temmuz Pedisel dokusunda Blast2go sonuçlarına göre moleküler fonksiyonda yer alan transkriptler

	S-Limonene-3- Monooksigenaz					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00295	adenylate kinase 4-like	172	10	1.2E-23	95.8%	3
	Demir - Sülfür Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00168	dead-box atp-dependent rna helicase 56-like	173	10	2.0E-31	100%	4
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
	4-hidroksi-4-metil-2-oksoglutarat aldolaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00269	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2	314	10	1.4E-23	87.1%	8
	Asit Fosfataz Aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00246	villin-4-like	139	10	2.3E-19	95.8%	2
contig00604	cytochrome p450 like_tbp	147	10	5.5E-24	94.3%	2
	Acireductone dioksijenaz [demir (II) -requiring] aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00462	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	455	10	1.1E-69	97%	7
	Yağ asidi biyosentez sürecinde ACP fosfopanteteyin bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00294	adenylate kinase b	120	10	7.7E-18	98.8%	3
	Actin Flament Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

contig00361	cytochrome p450 like_tbp	503	10	9.7E-64	75.5%	2
	Asil Hidrolaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00294	adenylate kinase b	120	10	7.7E-18	98.8%	3
	Adenilat kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00293	adenylate kinase b	148	10	2.1E-25	97.3%	3
contig00440	heat shock 70 kda mitochondrial	313	10	3.7E-60	98.2%	3
contig00374	atp-citrate synthase alpha chain protein 1	115	10	5.2E-18	100%	3
	Alfa-manosidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00267	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	229	10	4.8E-18	81%	7
	Aromataz Aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00539	cytochrome p450 like_tbp	537	10	1.9E-69	77.2%	2
contig00428	cytochrome p450 like_tbp	553	10	3.2E-77	66.4%	2
contig00275	cytochrome p450 like_tbp	666	10	7.2E-56	74.4%	2
contig00525	cytochrome p450 like_tbp	720	10	2.9E-62	81.3%	2
contig00512	cytochrome p450 like_tbp	1253	10	1.9E-114	84.6%	2
contig00594	senescence-associated protein	252	10	7.3E-41	94.8%	2
contig00240	probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 6 isoform x2	261	10	1.3E-38	86%	2
contig00227	bark storage protein a	145	10	1.1E-26	91%	2
	Aspartil esteraz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00522	probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 51	183	10	1.7E-26	89.4%	7
	ATP Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
contig00016	atp synthase subunit alpha	1892	10	2.1E-86	86.7%	12

contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10
contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
contig00224	ribosome biogenesis protein bop1 homolog {eco:0000255	115	10	3.6E-14	96.4%	7
contig00023	ribosomal protein s7	318	10	1.9E-35	86.8%	6
contig00046	ribosomal protein l16	439	10	3.8E-74	97.1%	6
contig00113	apyrase 2	148	10	1.0E-8	68.7%	6
contig00172	codeine o-demethylase-like	125	10	1.4E-16	95.6%	6
contig00020	low quality protein: cytochrome c oxidase subunit 2	157	3	8.0E-15	67.33%	6
contig00035	nadh dehydrogenase subunit 6	440	10	3.3E-61	91%	5
contig00128	calcium-transporting atpase endoplasmic reticulum-type-like	234	10	3.3E-33	79%	5
contig00075	cysteine-histidine-rich c1 domain family protein	152	10	4.0E-20	87.4%	5
contig00416	pyruvate cytosolic isozyme	354	10	2.3E-52	92.7%	5
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
contig00072	proline--trna ligase	128	10	4.8E-20	99.1%	4
contig00071	proline--trna ligase	155	10	3.9E-28	100%	4
contig00437	tubulin beta-8 chain-like	301	10	1.1E-23	68.9%	4
contig00448	hydroxymethylglutaryl- synthase isoform x4	123	10	8.6E-16	94.7%	4
contig00027	nadh dehydrogenase subunit partial	657	10	3.9E-107	91.9%	4
contig00413	cell wall-associated hydrolase	832	10	1.5E-82	88.7%	4
contig00375	adenylate kinase isoenzyme 6 homolog	170	10	1.3E-12	74.8%	4
contig00379	acyl acp-thioesterase	141	10	4.4E-23	99.1%	4
contig00334	elongation factor 2-like	131	10	2.3E-21	97%	4
contig00262	eukaryotic initiation factor 4a-13	178	10	1.6E-30	97.6%	4
contig00613	BnaUnng00860D	374	9	3.2E-25	82.56%	4
contig00293	adenylate kinase b	148	10	2.1E-25	97.3%	3
contig00440	heat shock 70 kda mitochondrial	313	10	3.7E-60	98.2%	3
contig00374	atp-citrate synthase alpha chain protein 1	115	10	5.2E-18	100%	3
contig00476	cathepsin b-like	130	10	1.0E-7	98.2%	3
contig00479	peroxisomal -2-hydroxy-acid oxidase glo1-like	128	10	2.1E-20	100%	3
contig00655	cyclin-dependent kinase c-2	118	10	7.4E-18	100%	3
contig00178	receptor-like protein kinase feronia	181	10	2.7E-22	84.3%	3
contig00152	shaggy-related protein kinase eta-like	198	10	9.7E-35	96.2%	3
contig00670	serine threonine-protein kinase afc2 isoform x2	313	10	1.5E-30	90.1%	3
contig00607	transcription factor	251	10	3.7E-10	70.9%	3
contig00492	protein argonaute 1-like	128	10	1.1E-19	92.5%	3
contig00200	bglc_oleeu ame: full=beta-glucosidase short=	117	3	4.4E-16	87%	2
contig00094	gag-pol polyprotein	506	10	4.2E-13	76.1%	1
contig00190	hypothetical protein VITISV_009328	498	10	9.6E-21	73.3%	1
contig00585	beta- partial	151	10	1.7E-27	100%	7

	ATP sitrat sentaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00479	peroxisomal -2-hydroxy-acid oxidase glo1-like	128	10	2.1E-20	100%	3
	ATP-bağımlı peptidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
	Beta-glukosidaz aktivity					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00201	beta- partial	217	6	1.2E-25	74.83%	2
contig00064	mitochondrial adenine nucleotide transporter adnt1-like	345	4	2.4E-9	95.25%	2
contig00556	BnaC09g29270D	516	10	6.6E-49	96.7%	1
	Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00328	protein spa1-related 2-like	399	10	6.4E-16	56.1%	1
contig00120	stachyose synthase	390	10	2.4E-25	58.6%	1
	Kalsiyum İyon Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00260	atp synthase cf0 a subunit	272	10	2.7E-38	100%	6
contig00113	apyrase 2	148	10	1.0E-8	68.7%	6
contig00262	eukaryotic initiation factor 4a-13	178	10	1.6E-30	97.6%	4
	Kalmodülin bağlama					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00020	low quality protein: cytochrome c oxidase subunit 2	157	3	8.0E-15	67.33%	6
	Karbonhidrat Bağlama					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00267	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	229	10	4.8E-18	81%	7

contig00020	low quality protein: cytochrome c oxidase subunit 2	157	3	8.0E-15	67.33%	6
	Katalitik Aktivite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
contig00314	rna polymerase beta chain	476	10	1.8E-51	70.8%	4
contig00091	glutamine synthase clone isoform 2	128	10	7.8E-22	100%	4
contig00636	photosystem ii protein partial	361	10	9.0E-77	97.6%	3
contig00443	40s ribosomal protein s16-like	476	10	5.0E-83	89.6%	3
contig00158	gdp-l-galactose phosphorylase	248	10	6.3E-19	82.6%	3
contig00669	bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate aspartate-prephenate aminotransferase	411	7	8.3E-12	65.57%	3
contig00231	transcription factor vip1-like	196	2	5.9E-8	62.5%	3
contig00226	bark storage protein a	324	10	1.6E-67	89.6%	2
contig00321	endo- -beta-glucanase	243	10	3.4E-34	91.1%	2
contig00265	endo- -beta-glucanase	366	10	5.2E-25	85%	2
contig00239	phototropic-responsive nph3 family protein isoform 1	403	10	5.4E-10	54%	2
contig00083	receptor-like protein kinase feronia	458	10	3.9E-27	66.9%	1
contig00643	zinc finger ccch domain-containing protein 29-like	300	10	2.3E-24	80.5%	1
	Selüloz Akktivite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00323	endoglucanase 18-like	105	10	2.6E-11	88.6%	2
contig00322	endoglucanase 20-like	165	10	1.1E-17	80%	2
contig00223	cytochrome p450 liketbp	434	10	3.5E-41	86.4%	2
contig00352	rrna intron-encoded homing endonuclease	523	10	1.3E-61	74.7%	2
	Klorofil Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10

contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	1085	10	0.0E0	99.4%	10
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9
contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00116	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	144	10	1.6E-20	99.7%	8
contig00558	photosystem ii cp43 chlorophyll partial	455	10	9.4E-65	94.3%	8
contig00052	photosystem ii cp43 protein	333	10	4.8E-37	98%	8
contig00680	photosystem ii protein c	235	10	1.4E-27	97%	8
contig00535	chlorophyll a-b binding protein 1d	300	10	3.7E-43	100%	6
contig00678	cytochrome b559 subunit alpha	258	10	2.3E-26	73.2%	6
contig00389	photosystem ii cp47 partial	727	10	1.8E-46	90%	6
contig00550	atpase plasma membrane-type-like	201	10	8.4E-18	81.8%	6
	Kloroplast					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00247	snare-interacting protein keule-like	131	10	1.8E-11	82.6%	2
	Kromatin Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00648	cell wall-associated hydrolase	296	10	6.7E-30	91.4%	3
	Sinamoil-CoA redüktaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00164	cdpk-related kinase 3-like	290	10	3.9E-21	75.3%	4
	Koenzim Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00528	phosphomevalonate kinase-like	174	10	3.0E-22	91.3%	5
contig00164	cdpk-related kinase 3-like	290	10	3.9E-21	75.3%	4
	Bakır iyonu bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	100%	11
contig00073	apocytochrome partial	533	10	2.8E-87	84.7%	7
contig00429	histidinol-phosphate chloroplastic-like isoform x1	111	10	5.9E-14	99.4%	5

	Sistein tipi endopeptidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00131	gamma-glutamyltranspeptidase 3	136	10	1.8E-19	87.5%	3
	Sitokrom-b5 redüktaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00235	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c	433	10	1.3E-50	92.3%	7
	Sitokrom-c oksidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	100%	11
contig00073	apocytochrome partial	533	10	2.8E-87	84.7%	7
	DNA Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00134	ethylene-responsive transcription factor erf073	302	10	5.4E-12	78.2%	8
contig00644	cytochrome b6-f complex subunit iv	202	10	2.5E-24	94%	6
contig00062	oxygen-evolving enhancer protein chloroplastic	314	10	2.8E-59	92%	6
contig00559	clathrin heavy chain 1-like	388	10	1.4E-40	89.3%	5
contig00039	hypothetical protein M569_01740	199	8	3.6E-22	73.5%	5
contig00070	proline--trna ligase	122	10	4.1E-17	98.8%	4
contig00648	cell wall-associated hydrolase	296	10	6.7E-30	91.4%	3
contig00646	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	428	10	9.6E-40	72.4%	3
contig00382	hypothetical protein PhapfoPp088	393	8	8.3E-22	77.5%	3
	DNA-idareli RNA polimeraz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00559	clathrin heavy chain 1-like	388	10	1.4E-40	89.3%	5
contig00070	proline--trna ligase	122	10	4.1E-17	98.8%	4
	İlaç Bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00416	pyruvate cytosolic isozyme	354	10	2.3E-52	92.7%	5

	dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimeraz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
	Elektron Taşıyıcı Aktivite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00639	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	233	10	1.6E-47	100%	7
contig00192	probable protein phosphatase 2c 27	332	10	8.0E-50	95.1%	7
contig00429	histidinol-phosphate chloroplastic-like isoform x1	111	10	5.9E-14	99.4%	5
contig00168	dead-box atp-dependent rna helicase 56-like	173	10	2.0E-31	100%	4
contig00491	cytochrome b6	819	10	5.3E-88	78.8%	8
contig00099	chloroplast chlorophyll a-b binding protein partial	113	10	1.7E-16	97%	6
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	1085	10	0.0E0	99.4%	10
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9
contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00558	photosystem ii cp43 chlorophyll partial	455	10	9.4E-65	94.3%	8
contig00052	photosystem ii cp43 protein	333	10	4.8E-37	98%	8
contig00680	photosystem ii protein c	235	10	1.4E-27	97%	8
contig00535	chlorophyll a-b binding protein 1d	300	10	3.7E-43	100%	6
contig00099	chloroplast chlorophyll a-b binding protein partial	113	10	1.7E-16	97%	6
contig00108	cell wall-associated hydrolase	576	10	1.3E-26	88.1%	3
	Endonükleaz Aktivite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00641	rrna intron-encoded homing endonuclease	572	10	1.2E-79	77.9%	2
contig00563	rrna intron-encoded homing partial	347	10	1.5E-52	95.5%	2
contig00410	fructose-bisphosphate aldolase cytoplasmic isozyme-like	185	10	7.5E-20	95.8%	2

contig00117	glycylpeptide n-tetradecanoyltransferase 1-like	174	10	3.2E-24	90.9%	2
	Enzim inhibitörü aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00522	probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 51	183	10	1.7E-26	89.4%	7
	Flavon sintaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00566	g-type lectin s-receptor-like serine threonine-protein kinase at2g19130	268	10	3.4E-26	88.4%	6
contig00665	cinnamate 4-hydroxylase	569	10	2.0E-126	97.1%	6
	FMN bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00237	translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	391	10	3.9E-24	58.4%	3
	Fruktoz-bifosfat aldolaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Galaktokinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00128	calcium-transporting atpase endoplasmic reticulum-type-like	234	10	3.3E-33	79%	5
	Gama-glutamiltransferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00384	probable cytosolic oligopeptidase a	106	10	1.4E-11	99.7%	3
	GDP-D-glikoz fosforilaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00221	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkbp20-1	152	10	1.4E-25	98.6%	3
	Geraniol dehidrojenaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Bilgisi						
contig00030	nadh dehydrogenase subunit 2	136	9	2.2E-12	79.67%	3
	Glutamat amonyak ligaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00035	nadh dehydrogenase subunit 6	440	10	3.3E-61	91%	5
contig00072	proline--trna ligase	128	10	4.8E-20	99.1%	4
contig00384	probable cytosolic oligopeptidase a	106	10	1.4E-11	99.7%	3
	Glycylpeptit N-tetradecanoyltransferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00056	formamidase isoform x2	155	10	1.8E-26	98.6%	2
contig00112	gdsl esterase lipase cprd49-like	122	10	1.7E-14	86.3%	2
	GTP bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00281	beta- partial	256	10	1.4E-41	85%	8
contig00019	cytochrome c oxidase subunit 2	436	10	1.5E-54	99.6%	7
contig00121	atp synthase subunit partial	474	10	2.8E-105	99.7%	7
contig00690	cell wall-associated hydrolase	670	10	3.1E-73	82.4%	5
contig00296	zgc:158463 protein	535	10	1.1E-23	48.6%	3
	GTPaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00281	beta- partial	256	10	1.4E-41	85%	8
contig00019	cytochrome c oxidase subunit 2	436	10	1.5E-54	99.6%	7
contig00121	atp synthase subunit partial	474	10	2.8E-105	99.7%	7
contig00690	cell wall-associated hydrolase	670	10	3.1E-73	82.4%	5
contig00228	bark storage protein a	123	10	1.1E-18	88.9%	4
	Helikaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00375	adenylate kinase isoenzyme 6 homolog	170	10	1.3E-12	74.8%	4
contig00379	acyl acp-thioesterase	141	10	4.4E-23	99.1%	4
contig00613	BnaUnng00860D	374	9	3.2E-25	82.56%	4
	Heme bağlayıcı					
Referans	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Genomun Kontig Bilgisi						
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	100%	11
contig00491	cytochrome b6	819	10	5.3E-88	78.8%	8
contig00639	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	233	10	1.6E-47	100%	7
contig00518	60s ribosomal protein l37-3	136	10	5.7E-22	100%	6
contig00566	g-type lectin s-receptor-like serine threonine-protein kinase at2g19130	268	10	3.4E-26	88.4%	6
contig00679	cytochrome b559 subunit alpha	206	6	7.9E-19	82.17%	6
contig00562	ycf9	277	10	2.6E-27	89.5%	5
	Heme taşıyıcı aktivite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
	Heme bakır terminali oksidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00507	cell wall-associated partial	476	10	2.7E-56	81.3%	3
	Histidinol-fosfat transaminaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00089	glutamine synthetase	446	10	5.6E-13	96.7%	5
	Hidrojen iyonu transmembran taşıyıcı aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
contig00254	atp synthase cf0 c chain	427	10	1.9E-30	80.4%	7
contig00251	ubiquitin-conjugating enzyme e2 28-like	167	10	2.9E-24	97.1%	6
	Hidrojen çıkartan ATPaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00023	ribosomal protein s7	318	10	1.9E-35	86.8%	6
	Hidrolaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Bilgisi						
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
contig00113	apyrase 2	148	10	1.0E-8	68.7%	6
contig00251	ubiquitin-conjugating enzyme e2 28-like	167	10	2.9E-24	97.1%	6
contig00172	codeine o-demethylase-like	125	10	1.4E-16	95.6%	6
contig00075	cysteine-histidine-rich c1 domain family protein	152	10	4.0E-20	87.4%	5
contig00024	nadh dehydrogenase subunit 5	219	10	1.5E-24	80.9%	5
contig00048	ribosomal protein partial	109	10	1.3E-15	98.8%	4
contig00504	cell wall-associated hydrolase	597	10	1.2E-56	89.7%	3
contig00385	cell wall-associated partial	499	10	1.6E-62	91.1%	3
contig00109	cell wall-associated partial	542	10	4.8E-64	93.4%	3
contig00125	cell wall-associated partial	1226	10	2.2E-134	93.4%	3
contig00230	elongation factor 1-delta-like isoform x2	221	10	4.0E-10	95.7%	3
contig00603	ferric reduction oxidase 6-like	249	10	5.5E-39	91.1%	3
contig00258	cell wall-associated partial	697	10	2.1E-50	89.1%	3
contig00676	metal transporter nramp5	691	10	9.0E-78	90.5%	3
contig00513	metal transporter nramp5	1260	10	1.2E-117	86.9%	3
contig00012	nadh dehydrogenase subunit 2	191	10	6.5E-33	99.8%	3
contig00033	nadh dehydrogenase subunit 4	551	10	5.6E-89	97.3%	3
contig00547	PsbA (chloroplast)	133	1	5.7E-13	85%	3
contig00682	cell wall-associated hydrolase	727	10	2.2E-81	82.6%	2
contig00588	cell wall-associated partial	361	10	4.6E-35	69.2%	2
contig00415	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein sgpp	267	10	1.4E-25	88.6%	2
contig00529	protein auxin signaling f-box 2-like	231	10	2.2E-35	89%	2
contig00609	nodulin-related family protein	483	10	1.0E-36	81.2%	2
contig00296	zgc:158463 protein	535	10	1.1E-23	48.6%	3
contig00111	atpase subunit 8	248	10	9.6E-18	94.4%	8
contig00631	non-specific phospholipase c1	219	10	2.5E-24	92.7%	2
contig00148	glucan endo- -beta-glucosidase 5	544	10	9.4E-52	94.2%	2
contig00502	2-hydroxyisoflavanone dehydratase-like	431	10	6.6E-26	73.6%	2
contig00214	cell wall-associated hydrolase	648	10	1.0E-83	84.2%	2
	Hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00166	alpha-mannosidase 2x	264	10	2.6E-50	92.1%	7
contig00528	phosphomevalonate kinase-like	174	10	3.0E-22	91.3%	5
contig00528	phosphomevalonate kinase-like	174	10	3.0E-22	91.3%	5
contig00133	ftsh protease 1 isoform 2	164	10	2.1E-28	100%	4
	İnositol hexakisphosphate bağlayıcı					

Referans Genomun Kontig Bilgisi	Gen Adı	Uzunluk	#Hits	e-Value	Benzerlik	#GO
contig00494	protein argonaute 1-like	153	10	7.0E-23	93.6%	2
	Demir iyon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	100%	11
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	1085	10	0.0E0	99.4%	10
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9
contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00491	cytochrome b6	819	10	5.3E-88	78.8%	8
contig00639	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	233	10	1.6E-47	100%	7
contig00462	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	455	10	1.1E-69	97%	7
contig00566	g-type lectin s-receptor-like serine threonine-protein kinase at2g19130	268	10	3.4E-26	88.4%	6
contig00679	cytochrome b559 subunit alpha	206	6	7.9E-19	82.17%	6
	Kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00416	pyruvate cytosolic isozyme	354	10	2.3E-52	92.7%	5
contig00264	cinnamoyl- reductase 1-like	169	10	3.7E-14	88.1%	4
contig00630	zinc finger ccch domain-containing protein 29-like	430	10	2.1E-53	73.5%	1
	Ligaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00082	licodione synthase-like	344	10	3.0E-41	81.2%	6
contig00591	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100248456	190	4	6.1E-7	81.5%	4
contig00086	e3 ubiquitin-protein ligase upl1-like	400	10	5.9E-66	84%	3
contig00115	e3 ubiquitin-protein ligase upl5	356	10	2.7E-38	80.8%	3
contig00486	geraniol dehydrogenase	325	10	7.1E-46	91.1%	3
contig00395	bromodomain-containing protein	209	10	2.8E-17	72.3%	3
	Yağ bağlayıcı					

Referans Genomun Kontig Bilgisi	Gen Adı	Uzunluk	#Hits	e-Value	Benzerlik	#GO
contig00254	atp synthase cf0 c chain	427	10	1.9E-30	80.4%	7
	L-fenilalanin: 2-oksoglutarat aminotransferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00089	glutamine synthetase	446	10	5.6E-13	96.7%	5
	Lyaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00392	nadh--cytochrome b5 reductase 1-like	145	10	4.2E-17	89.8%	7
	Magnezyum iyon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00673	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large partial	330	10	4.9E-64	92%	7
contig00575	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	610	10	5.3E-106	84.6%	7
contig00377	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	243	10	8.6E-40	90.3%	7
contig00392	nadh--cytochrome b5 reductase 1-like	145	10	4.2E-17	89.8%	7
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
contig00396	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein f	224	10	1.4E-31	88.1%	4
	Metabolik süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00421	protein sgt1 homolog at5g65490	286	10	5.7E-19	79.4%	2
	Metal iyon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
contig00116	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	144	10	1.6E-20	99.7%	8
contig00558	photosystem ii cp43 chlorophyll partial	455	10	9.4E-65	94.3%	8

contig00052	photosystem ii cp43 protein	333	10	4.8E-37	98%	8
contig00680	photosystem ii protein c	235	10	1.4E-27	97%	8
contig00269	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2	314	10	1.4E-23	87.1%	8
contig00192	probable protein phosphatase 2c 27	332	10	8.0E-50	95.1%	7
contig00315	zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 5-like	234	10	1.1E-32	88.2%	7
contig00518	60s ribosomal protein l37-3	136	10	5.7E-22	100%	6
contig00268	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770 isoform x1	134	10	2.4E-20	97.6%	6
contig00023	ribosomal protein s7	318	10	1.9E-35	86.8%	6
contig00665	cinnamate 4-hydroxylase	569	10	2.0E-126	97.1%	6
contig00562	ycf9	277	10	2.6E-27	89.5%	5
contig00068	plastocyanin chloroplast	455	10	7.4E-34	73.2%	5
contig00075	cysteine-histidine-rich c1 domain family protein	152	10	4.0E-20	87.4%	5
contig00314	rna polymerase beta chain	476	10	1.8E-51	70.8%	4
contig00091	glutamine synthase clone isoform 2	128	10	7.8E-22	100%	4
contig00168	dead-box atp-dependent rna helicase 56-like	173	10	2.0E-31	100%	4
contig00636	photosystem ii protein partial	361	10	9.0E-77	97.6%	3
contig00295	adenylate kinase 4-like	172	10	1.2E-23	95.8%	3
contig00400	dna polymerase i chloroplastic mitochondrial	274	10	1.1E-15	70.6%	3
contig00654	cyclin-dependent kinase c-2	116	10	5.4E-18	97.3%	3
contig00669	bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate aspartate-prephenate aminotransferase	411	7	8.3E-12	65.57%	3
contig00508	protein argonaute 4-like	116	10	7.9E-15	97%	1
contig00171	disease resistance protein at4g27190-like	406	10	7.1E-31	68.7%	1
contig00107	hypothetical protein (mitochondrion)	113	1	4.8E-6	78%	1
	Metaloendopeptidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
contig00413	cell wall-associated hydrolase	832	10	1.5E-82	88.7%	4
contig00400	dna polymerase i chloroplastic mitochondrial	274	10	1.1E-15	70.6%	3
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
	Metiltransferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00269	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2	314	10	1.4E-23	87.1%	8
contig00665	cinnamate 4-hydroxylase	569	10	2.0E-126	97.1%	6

	Moleküler fonksiyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00493	protein argonaute 1	167	10	8.6E-24	87.3%	3
contig00308	protein argonaute 1-like isoform x1	137	10	2.1E-20	96.2%	2
	Monooksigenaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00673	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large partial	330	10	4.9E-64	92%	7
contig00575	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	610	10	5.3E-106	84.6%	7
contig00377	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	243	10	8.6E-40	90.3%	7
contig00566	g-type lectin s-receptor-like serine threonine-protein kinase at2g19130	268	10	3.4E-26	88.4%	6
contig00679	cytochrome b559 subunit alpha	206	6	7.9E-19	82.17%	6
	Miristoil- [asil taşıyıcı protein] hidrolaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00347	phosphoglycerate cytosolic	166	10	5.1E-23	95.4%	4
	NADH dehidrojenaz (ubiquinone) aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00029	nadh dehydrogenase subunit 2	529	10	4.2E-107	99.2%	8
contig00511	elongation factor chloroplastic	446	10	1.0E-75	88.8%	5
contig00040	cytochrome c maturase subunit b	359	10	3.5E-41	99.4%	5
contig00129	ribosomal protein l5	366	10	2.8E-38	84.2%	4
contig00106	23s ribosomal rna	223	10	9.2E-30	98.4%	4
contig00627	bel1-like homeodomain protein 1	274	10	4.7E-26	82.2%	3
contig00469	protein ethylene insensitive 3-like	360	10	2.0E-74	95.8%	3
contig00487	photosystem ii protein l	410	7	3.7E-15	69.43%	3
contig00662	auxin-induced protein 22d-like	399	10	2.1E-22	94.8%	5
	Nükleik asit bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00169	dead-box atp-dependent rna helicase 56 isoform x1	234	10	7.6E-33	100%	4
contig00375	adenylate kinase isoenzyme 6 homolog	170	10	1.3E-12	74.8%	4
contig00379	acyl acp-thioesterase	141	10	4.4E-23	99.1%	4
contig00158	gdp-l-galactose phosphorylase	248	10	6.3E-19	82.6%	3

contig00317	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase 1	223	10	9.5E-17	76.9%	3
contig00612	polyadenylate-binding protein 8-like	296	10	3.6E-50	91%	2
contig00208	rac-like gtp-binding protein rac2	122	10	5.4E-9	76.8%	2
contig00286	cytochrome p450 like_tbp	429	10	9.3E-49	77.9%	1
	Nükleotit bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00172	codeine o-demethylase-like	125	10	1.4E-16	95.6%	6
contig00169	dead-box atp-dependent rna helicase 56 isoform x1	234	10	7.6E-33	100%	4
contig00264	cinnamoyl- reductase 1-like	169	10	3.7E-14	88.1%	4
contig00303	vacuolar-processing enzyme	167	10	3.2E-21	96%	2
contig00304	vacuolar-processing enzyme-like	155	10	1.1E-16	91.1%	2
contig00397	proline iminopeptidase	174	10	1.3E-14	85.7%	1
	Nükleotidiltransferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00221	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkbp20-1	152	10	1.4E-25	98.6%	3
	Oleoil [asil taşıyıcı protein] hidrolaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00347	phosphoglycerate cytosolic	166	10	5.1E-23	95.4%	4
	Oksaloasetat dekarboksilaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00269	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2	314	10	1.4E-23	87.1%	8
	Oksidoredüktaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9
contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00491	cytochrome b6	819	10	5.3E-88	78.8%	8
contig00099	chloroplast chlorophyll a-b binding protein partial	113	10	1.7E-16	97%	6

contig00068	plastocyanin chloroplast	455	10	7.4E-34	73.2%	5
contig00371	ubiquitin	151	10	2.5E-27	100%	4
contig00337	BnaUnng00860D	476	10	7.7E-61	83.7%	4
contig00634	ferric reduction oxidase 6-like	401	10	3.6E-21	77.7%	3
contig00165	monosaccharide-sensing protein 2	171	10	3.5E-23	86.5%	3
contig00597	probable inorganic phosphate transporter 1-9	235	10	3.8E-34	84%	3
contig00237	translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	391	10	3.9E-24	58.4%	3
contig00616	transcription factor bhlh66-like	152	10	7.7E-18	80.3%	1
contig00679	cytochrome b559 subunit alpha	206	6	7.9E-19	82.17%	6
contig00164	cdpk-related kinase 3-like	290	10	3.9E-21	75.3%	4
contig00461	cell wall-associated partial	230	10	3.1E-15	70.4%	1
	Oksijen oluşturan aktivite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	1085	10	0.0E0	99.4%	10
	Palmitoil [asil taşıyıcı protein] hidrolaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00347	phosphoglycerate cytosolic	166	10	5.1E-23	95.4%	4
	Pektinesteraz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00522	probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 51	183	10	1.7E-26	89.4%	7
	Peptidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00488	serine carboxypeptidase-like 18	297	10	2.4E-10	80.4%	2
contig00474	subtilisin-like protease	227	10	3.4E-22	89.6%	2
contig00257	transcription factor myc2-like	348	10	6.4E-49	85.8%	1
	Peptidil-prolil cis-trans izomeraz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

contig00346	serine threonine-protein phosphatase pp1 isozyme 2	300	10	1.4E-35	79.5%	3
contig00485	e3 ubiquitin-protein ligase keg	349	10	2.2E-49	88.6%	3
	Peroksidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00685	23s ribosomal rna	309	10	7.4E-22	95%	6
	Peroksiredoksin aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00685	23s ribosomal rna	309	10	7.4E-22	95%	6
	Fenilalanin amonyak-liyaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00679	cytochrome b559 subunit alpha	206	6	7.9E-19	82.17%	6
	Fosfogliserat kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00334	elongation factor 2-like	131	10	2.3E-21	97%	4
	Phosphomevalonate kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
	Phosphoprotein fosfataz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00654	cyclin-dependent kinase c-2	116	10	5.4E-18	97.3%	3
	Fosfotransferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00416	pyruvate cytosolic isozyme	354	10	2.3E-52	92.7%	5
	Potasyum iyonu bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00301	ethylene-responsive transcription factor	333	10	5.5E-28	60.2%	5

	12					
	Prolin-tRNA ligaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00071	proline--trna ligase	155	10	3.9E-28	100%	4
contig00437	tubulin beta-8 chain-like	301	10	1.1E-23	68.9%	4
contig00448	hydroxymethylglutaryl- synthase isoform x4	123	10	8.6E-16	94.7%	4
	Protein bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00317	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase 1	223	10	9.5E-17	76.9%	3
	Protein dimerizasyon aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00433	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	153	10	1.0E-17	97.2%	5
contig00062	oxygen-evolving enhancer protein chloroplastic	314	10	2.8E-59	92%	6
contig00426	14-3-3 protein	443	10	3.8E-67	95.6%	1
contig00414	14-3-3-like protein d isoform x2	142	10	2.7E-23	95.5%	1
contig00255	glutathione s-transferase-like	126	10	5.6E-10	76%	1
contig00451	protein da1-related 1-like isoform x1	121	10	3.1E-17	93.8%	1
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Protein kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00113	apyrase 2	148	10	1.0E-8	68.7%	6
contig00262	eukaryotic initiation factor 4a-13	178	10	1.6E-30	97.6%	4
contig00655	cyclin-dependent kinase c-2	118	10	7.4E-18	100%	3
	Protein fosfataz tipi 2A regülatör aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00335	40s ribosomal protein s27-2	658	10	1.6E-17	100%	4
	Protein serin / treonin kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
contig00585	beta- partial	151	10	1.7E-27	100%	7
contig00046	ribosomal protein l16	439	10	3.8E-74	97.1%	6
contig00020	low quality protein: cytochrome c oxidase subunit 2	157	3	8.0E-15	67.33%	6
contig00027	nadh dehydrogenase subunit partial	657	10	3.9E-107	91.9%	4
contig00178	receptor-like protein kinase feronia	181	10	2.7E-22	84.3%	3
contig00152	shaggy-related protein kinase eta-like	198	10	9.7E-35	96.2%	3
contig00670	serine threonine-protein kinase afc2 isoform x2	313	10	1.5E-30	90.1%	3
contig00607	transcription factor	251	10	3.7E-10	70.9%	3
contig00492	protein argonaute 1-like	128	10	1.1E-19	92.5%	3
contig00315	zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 5-like	234	10	1.1E-32	88.2%	7
	Protein taşıma aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00110	cytochrome c oxidase subunit partial	207	10	4.4E-12	74.5%	3
	Protein-disülfid redüktaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00305	protein nrt1 ptr family -like	353	10	1.6E-15	56.2%	5
	Proteoliz					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00131	gamma-glutamyltranspeptidase 3	136	10	1.8E-19	87.5%	3
	Proton taşıyan ATP sentaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00016	atp synthase subunit alpha	1892	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00224	ribosome biogenesis protein bop1 homolog {eco:0000255	115	10	3.6E-14	96.4%	7
contig00066	v-type proton atpase subunit a1-like	108	10	1.2E-16	100%	6
contig00016	atp synthase subunit alpha	1892	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00224	ribosome biogenesis protein bop1 homolog {eco:0000255	115	10	3.6E-14	96.4%	7
	Piridoksal fosfat bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00089	glutamine synthetase	446	10	5.6E-13	96.7%	5

contig00231	transcription factor vip1-like	196	2	5.9E-8	62.5%	3
	Piruvat kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
	Kuinon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00029	nadh dehydrogenase subunit 2	529	10	4.2E-107	99.2%	8
	Ribonükleaz inhibitörü aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00269	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2	314	10	1.4E-23	87.1%	8
	Ribonükleoprotein kompleks bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00340	-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3	124	10	7.7E-20	98.2%	7
	Ribonükleosit bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00559	clathrin heavy chain 1-like	388	10	1.4E-40	89.3%	5
	Ribuloz bisfosfat karboksilaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00673	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large partial	330	10	4.9E-64	92%	7
contig00575	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	610	10	5.3E-106	84.6%	7
contig00377	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	243	10	8.6E-40	90.3%	7
contig00396	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein f	224	10	1.4E-31	88.1%	4
	RNA bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00303	vacuolar-processing enzyme	167	10	3.2E-21	96%	2
contig00268	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770 isoform	134	10	2.4E-20	97.6%	6

	x1					
contig00081	auxin response factor 19-like	221	10	1.9E-27	83.9%	6
contig00580	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 isoform 3	208	10	2.7E-20	88.7%	6
	Diziye özgü DNA bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00568	peroxiredoxin-2e- chloroplastic	403	10	1.0E-31	82.3%	6
contig00407	e3 ubiquitin protein ligase	145	10	1.6E-25	100%	3
contig00001	ribosomal protein s10	347	1	9.8E-11	88%	3
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
contig00134	ethylene-responsive transcription factor erf073	302	10	5.4E-12	78.2%	8
contig00568	peroxiredoxin-2e- chloroplastic	403	10	1.0E-31	82.3%	6
contig00039	hypothetical protein M569_01740	199	8	3.6E-22	73.5%	5
contig00163	long chain acyl- synthetase 4-like	125	10	1.4E-17	96.2%	3
contig00407	e3 ubiquitin protein ligase	145	10	1.6E-25	100%	3
contig00001	ribosomal protein s10	347	1	9.8E-11	88%	3
	Serin-tip karboksipeptidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00632	subtilisin-like protease	398	10	5.3E-53	78.4%	2
	Serin-tip endopeptidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00331	adagio protein 1-like	299	10	3.1E-44	87.4%	2
contig00380	palmitoyl-acyl carrier protein chloroplastic	193	10	5.0E-28	90.1%	2
	Sinyal dönüştürücü aktivite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00241	raffinose synthase family protein isoform 1	147	10	3.2E-18	94.6%	2
	Hücre iskeletinin yapısal bileşen					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00281	beta- partial	256	10	1.4E-41	85%	8
contig00019	cytochrome c oxidase subunit 2	436	10	1.5E-54	99.6%	7
contig00121	atp synthase subunit partial	474	10	2.8E-105	99.7%	7

	Ribozomun yapısal bileşeni					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00016	atp synthase subunit alpha	1892	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00268	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770 isoform x1	134	10	2.4E-20	97.6%	6
contig00081	auxin response factor 19-like	221	10	1.9E-27	83.9%	6
contig00580	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 isoform 3	208	10	2.7E-20	88.7%	6
contig00047	ribosomal protein partial	368	10	1.7E-50	88.5%	4
contig00015	nadh dehydrogenase subunit 9	704	10	1.3E-75	99.4%	4
contig00411	serine threonine protein phosphatase 2a 57 kda regulatory subunit b beta isoform-like	374	10	6.9E-57	86.5%	4
contig00150	premnaspirodiene oxygenase-like	369	10	6.9E-23	66.5%	3
contig00104	palmitoyl-acyl carrier protein chloroplastic	150	10	8.7E-20	89%	3
contig00283	binding protein	154	10	2.1E-23	97.6%	2
	Yapısal molekül aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00567	PREDICTED: galactokinase-like	163	10	7.0E-24	92.2%	5
	Substrata spesifik transmembran taşıyıcı aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00532	aquaporin pip2-2	181	10	1.6E-28	95.2%	3
	Tiamin pirofosfat bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00392	nadh--cytochrome b5 reductase 1-like	145	10	4.2E-17	89.8%	7
	Tiolester hidrolazı aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00098	elongation defective 1 protein eld1 protein isoform partial	112	10	4.4E-18	99.7%	2
	Treonin tipi endopeptidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00195	serine threonine-protein kinase tor	190	10	3.2E-18	80%	5

	Transaminaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00568	peroxiredoxin-2e- chloroplastic	403	10	1.0E-31	82.3%	6
	Transferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00421	protein sgt1 homolog at5g65490	286	10	5.7E-19	79.4%	2
contig00204	ganglioside-induced differentiation-associated protein 2	268	10	7.8E-27	76.1%	1
contig00608	c2 domain-containing family protein	433	10	1.2E-25	61.4%	2
contig00452	40s ribosomal protein s6	243	10	3.0E-48	99.6%	3
contig00545	protein translation factor sui1 homolog	178	10	3.9E-20	100%	2
	Translasyon uzama faktör aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00690	cell wall-associated hydrolase	670	10	3.1E-73	82.4%	5
contig00228	bark storage protein a	123	10	1.1E-18	88.9%	4
contig00602	ferric reduction oxidase 6-like	268	10	6.1E-21	76.7%	3
contig00280	beta- partial	124	10	1.0E-21	100%	7
contig00228	bark storage protein a	123	10	1.1E-18	88.9%	4
contig00147	e3 ubiquitin-protein ligase upl1-like	146	10	3.1E-19	89.2%	3
contig00376	methanol o-anthraniloyltransferase	405	10	1.2E-54	75.1%	2
contig00280	beta- partial	124	10	1.0E-21	100%	7
	Transmembran reseptörü protein tirozin kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00585	beta- partial	151	10	1.7E-27	100%	7
	Transmembran taşıyıcı aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00533	aquaporin pip2-7-like	252	10	2.3E-33	88.4%	3
	Taşıyıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00024	nadh dehydrogenase subunit 5	219	10	1.5E-24	80.9%	5
contig00146	mitochondrial outer membrane protein porin 1-like	218	10	1.5E-21	73%	5
contig00633	aquaporin-like partial	109	10	1.6E-14	98.5%	3

contig00329	triose phosphate translocator	113	10	1.4E-15	100%	3
contig00143	dnaj protein erdj2a-like isoform x1	421	10	2.5E-14	78.7%	3
contig00405	cytochrome b6	434	10	7.2E-32	63.1%	3
contig00505	cell wall-associated partial	520	10	2.2E-54	89.5%	3
	Trioz-fosfat transmembran taşıyıcı aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00330	glucose-6-phosphate phosphate translocator-related	111	10	1.4E-12	97%	8
	Ubikinol-sitokrom-c redüktaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00192	probable protein phosphatase 2c 27	332	10	8.0E-50	95.1%	7
	Ubikuitin-protein transferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00644	cytochrome b6-f complex subunit iv	202	10	2.5E-24	94%	6
contig00591	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100248456	190	4	6.1E-7	81.5%	4
contig00086	e3 ubiquitin-protein ligase upl1-like	400	10	5.9E-66	84%	3
contig00115	e3 ubiquitin-protein ligase upl5	356	10	2.7E-38	80.8%	3
contig00486	geraniol dehydrogenase	325	10	7.1E-46	91.1%	3
contig00395	bromodomain-containing protein	209	10	2.8E-17	72.3%	3
	UDP-4-keto-6-deoksi-glukoz-3,5-epimeraz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
	Katlanmamış protein bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10
contig00476	cathepsin b-like	130	10	1.0E-7	98.2%	3
	Anyon yolu aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5

	Çinko iyon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
contig00267	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	229	10	4.8E-18	81%	7
contig00644	cytochrome b6-f complex subunit iv	202	10	2.5E-24	94%	6
contig00305	protein nrt1 ptr family -like	353	10	1.6E-15	56.2%	5
contig00008	unnamed protein product	492	2	5.3E-16	90%	5
contig00030	nadh dehydrogenase subunit 2	136	9	2.2E-12	79.67%	3
contig00161	uncharacterized oxidoreductase at4g09670-like	233	10	2.2E-14	69.3%	1

Ek 3: Temmuz Pedisel dokusunda blast2go sonuçlarına göre biyolojik işlevde yer alan transkriptler

	Yükseltgenme indirgenme işlemi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00525	cytochrome p450 like_tbp	720	10	2.9E-62	81.3%	2
	Transmembran taşımacılığı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00028	nadh dehydrogenase subunit	574	2	1.5E-15	87%	2
	Aktin flament demetlerinin birleştirilmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00361	cytochrome p450 like_tbp	503	10	9.7E-64	75.5%	2
	Aerobik solunum					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	100%	11
	Amino asit alımı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
	Anyon taşınımı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
	Anter gelişimi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
	Aromatik amino asit ailesinin biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	ATP bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00111	atpase subunit 8	248	10	9.6E-18	94.4%	8
	ATP biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00111	atpase subunit 8	248	10	9.6E-18	94.4%	8
contig00023	ribosomal protein s7	318	10	1.9E-35	86.8%	6
	Proton taşınımı ile birleştirilmiş ATP hidrolizi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00016	atp synthase subunit alpha	1892	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
contig00254	atp synthase cf0 c chain	427	10	1.9E-30	80.4%	7
contig00224	ribosome biogenesis protein bop1 homolog {eco:0000255	115	10	3.6E-14	96.4%	7
contig00251	ubiquitin-conjugating enzyme e2 28-like	167	10	2.9E-24	97.1%	6
	Elektron taşınımı ile birleştirilmiş ATP sentezi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00662	auxin-induced protein 22d-like	399	10	2.1E-22	94.8%	5
contig00029	nadh dehydrogenase subunit 2	529	10	4.2E-107	99.2%	8
contig00040	cytochrome c maturase subunit b	359	10	3.5E-41	99.4%	5
contig00129	ribosomal protein l5	366	10	2.8E-38	84.2%	4
contig00627	bel1-like homeodomain protein 1	274	10	4.7E-26	82.2%	3
contig00469	protein ethylene insensitive 3-like	360	10	2.0E-74	95.8%	3
contig00487	photosystem ii protein l	410	7	3.7E-15	69.43%	3
	Proton taşınımı ile birleştirilmiş ATP sentezi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00016	atp synthase subunit alpha	1892	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00254	atp synthase cf0 c chain	427	10	1.9E-30	80.4%	7
contig00224	ribosome biogenesis protein bop1 homolog {eco:0000255	115	10	3.6E-14	96.4%	7

contig00066	v-type proton atpase subunit a1-like	108	10	1.2E-16	100%	6
	Oksin polar taşınımı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
	Oksin-aktive sinyalizasyon yolağı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00433	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	153	10	1.0E-17	97.2%	5
contig00062	oxygen-evolving enhancer protein chloroplastic	314	10	2.8E-59	92%	6
contig00494	protein argonaute 1-like	153	10	7.0E-23	93.6%	2
	Biyolojik işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00493	protein argonaute 1	167	10	8.6E-24	87.3%	3
contig00382	hypothetical protein PhapfoPp088	393	8	8.3E-22	77.5%	3
contig00350	acid phosphatase 1-like	212	10	5.6E-25	75.9%	2
contig00308	protein argonaute 1-like isoform x1	137	10	2.1E-20	96.2%	2
contig00174	topless-related protein 3	114	10	1.7E-15	98.8%	1
	Biyosentetik işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00231	transcription factor vip1-like	196	2	5.9E-8	62.5%	3
	Karbohidrat metabolk işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00214	cell wall-associated hydrolase	648	10	1.0E-83	84.2%	2
contig00201	beta- partial	217	6	1.2E-25	74.83%	2
contig00064	mitochondrial adenine nucleotide transporter adnt1-like	345	4	2.4E-9	95.25%	2
contig00128	calcium-transporting atpase endoplasmic reticulum-type-like	234	10	3.3E-33	79%	5
	Karbon fiksasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00396	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein f	224	10	1.4E-31	88.1%	4

	Hücre farklılaşması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Hücre bölünmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
	Hücre duvarı modifikasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00522	probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 51	183	10	1.7E-26	89.4%	7
	Hücresel işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
contig00592	leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	168	10	3.0E-27	96%	4
	Hipoksiye hücresel yanıt					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00134	ethylene-responsive transcription factor erf073	302	10	5.4E-12	78.2%	8
	Selüloz katabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00323	endoglucanase 18-like	105	10	2.6E-11	88.6%	2
contig00322	endoglucanase 20-like	165	10	1.1E-17	80%	2
contig00223	cytochrome p450 liketbp	434	10	3.5E-41	86.4%	2
contig00352	rrna intron-encoded homing endonuclease	523	10	1.3E-62	74.7%	2
	Klorofil biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34

	Klorofil katabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00425	phospholipase a-2-activating protein	130	10	2.0E-16	92.7%	2
	Klorofil metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Kloroplast düzenlemesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Kloroplast tilakoid zarı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00491	cytochrome b6	819	10	5.3E-88	78.8%	8
	Koenzim A metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00528	phosphomevalonate kinase-like	174	10	3.0E-22	91.3%	5
contig00166	alpha-mannosidase 2x	264	10	2.6E-50	92.1%	7
contig00166	alpha-mannosidase 2x	264	10	2.6E-50	92.1%	7
	Koenzim biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	COPII vezikül kaplama					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00087	PREDICTED: uncharacterized protein LOC105157217 isoform X1	247	5	2.2E-7	62.2%	2
	sistein biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34

contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
contig00330	glucose-6-phosphate phosphate translocator-related	111	10	1.4E-12	97%	8
	Sitokrom kompleksi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
	Sitokinez					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00008	unnamed protein product	492	2	5.3E-16	90%	5
	Hücre iskeleti organizasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
	Defosforilasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00654	cyclin-dependent kinase c-2	116	10	5.4E-18	97.3%	3
contig00246	villin-4-like	139	10	2.3E-19	95.8%	2
contig00604	cytochrome p450 like_tbp	147	10	5.5E-24	94.3%	2
	DNA endoreduplikasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00082	licodione synthase-like	344	10	3.0E-41	81.2%	6
	DNA replikasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00158	gdp-l-galactose phosphorylase	248	10	6.3E-19	82.6%	3
	dTDP-ramnoz biyosentetik süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
	D-ksiloz metabolizma					

Referans Genomun Kontig Bilgisi	Gen Adı	Uzunluk	#Hits	e-Value	Benzerlik	#GO
contig00235	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c	433	10	1.3E-50	92.3%	
	Elektron taşıma zinciri					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00016	atp synthase subunit alpha	1892	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00235	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c	433	10	1.3E-50	92.3%	7
contig00073	apocytochrome partial	533	10	2.8E-87	84.7%	7
contig00168	dead-box atp-dependent rna helicase 56-like	173	10	2.0E-31	100%	4
	Embriyonik meristem gelişimi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
	ER'dan Golgiye vezikul yolu ile taşıma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
	Metabolik süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00281	beta- partial	256	10	1.4E-41	85%	8
	Etilen ile aktiflenmiş sinyal yolağı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00134	ethylene-responsive transcription factor erf073	302	10	5.4E-12	78.2%	8
	Yağ asidi biyosentez süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00347	phosphoglycerate cytosolic	166	10	5.1E-23	95.4%	4
contig00294	adenylate kinase b	120	10	7.7E-18	98.8%	3
contig00098	elongation defective 1 protein eld1 protein isoform partial	112	10	4.4E-18	99.7%	2

	Flavon biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00566	g-type lectin s-receptor-like serine threonine-protein kinase at2g19130	268	10	3.4E-26	88.4%	6
contig00665	cinnamate 4-hydroxylase	569	10	2.0E-126	97.1%	6
	Preinitasyon translasyon kompleksi oluşumu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00280	beta- partial	124	10	1.0E-21	100%	7
	galaktoz metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00128	calcium-transporting atpase endoplasmic reticulum-type-like	234	10	3.3E-33	79%	5
	Gen ekspresyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
	RNA aracılı gen susturma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00317	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase 1	223	10	9.5E-17	76.9%	3
contig00147	e3 ubiquitin-protein ligase upl1-like	146	10	3.1E-19	89.2%	3
contig00612	polyadenylate-binding protein 8-like	296	10	3.6E-50	91%	2
contig00208	rac-like gtp-binding protein rac2	122	10	5.4E-9	76.8%	2
	Glukan biyosentezi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00452	40s ribosomal protein s6	243	10	3.0E-48	99.6%	3
	Glukoneogenez					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
	Glikoz katabolik süreci					
Referans	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Genomun Kontig Bilgisi						
contig00644	cytochrome b6-f complex subunit iv	202	10	2.5E-24	94%	6
	Glukosinolat biyosentetik süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
	Glucuronoxylan metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00046	ribosomal protein l16	439	10	3.8E-74	97.1%	6
contig00585	beta- partial	151	10	1.7E-27	100%	7
	glutamin biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00035	nadh dehydrogenase subunit 6	440	10	3.3E-61	91%	5
contig00072	proline--trna ligase	128	10	4.8E-20	99.1%	4
	Glutatiyon katabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00384	probable cytosolic oligopeptidase a	106	10	1.4E-11	99.7%	3
	Glisin katabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Glikolitik süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
contig00118	glycylpeptide n-tetradecanoyltransferase 1-like	383	10	1.1E-45	81.3%	2
contig00334	elongation factor 2-like	131	10	2.3E-21	97%	4

	GTP bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00228	bark storage protein a	123	10	1.1E-18	88.9%	4
	Heme taşıyıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
	Histidin biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00089	glutamine synthetase	446	10	5.6E-13	96.7%	5
	Hidrojen iyonu transmembran taşımacılığı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	100%	11
contig00073	apocytochrome partial	533	10	2.8E-87	84.7%	7
contig00192	probable protein phosphatase 2c 27	332	10	8.0E-50	95.1%	7
contig00023	ribosomal protein s7	318	10	1.9E-35	86.8%	6
	Hidrojen peroksit katabolik işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Hiperozmotik tuzluluk tepkisi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Hücre içi protein taşıma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00567	PREDICTED: galactokinase-like	163	10	7.0E-24	92.2%	5
	hücre içi sinyal iletim					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

contig00305	protein nrt1 ptr family -like	353	10	1.6E-15	56.2%	5
	İyon taşınımı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
	İzopentenil difosfat biyosentetik işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00133	ftsh protease 1 isoform 2	164	10	2.1E-28	100%	4
	İzoprenoid biyosentetik süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00166	alpha-mannosidase 2x	264	10	2.6E-50	92.1%	7
	Jasmonik asit biyosentez süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	yaprak morfogenez					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Işık toplama					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00678	cytochrome b559 subunit alpha	258	10	2.3E-26	73.2%	6
	Lipoat metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	L-methionin biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

contig00462	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	455	10	1.1E-69	97%	7
	Uzunlamasına eksen belirleme					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
	Makromolekül lokalizasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
	Maltoz metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Mannoz metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00267	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	229	10	4.8E-18	81%	7
	rRNA olgunlaşması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00340	-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3	124	10	7.7E-20	98.2%	7
contig00340	-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3	124	10	7.7E-20	98.2%	7
	Metabolik süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
contig00019	cytochrome c oxidase subunit 2	436	10	1.5E-54	99.6%	7
contig00121	atp synthase subunit partial	474	10	2.8E-105	99.7%	7
contig00251	ubiquitin-conjugating enzyme e2 28-like	167	10	2.9E-24	97.1%	6
contig00172	codeine o-demethylase-like	125	10	1.4E-16	95.6%	6
contig00075	cysteine-histidine-rich c1 domain family protein	152	10	4.0E-20	87.4%	5
contig00024	nadh dehydrogenase subunit 5	219	10	1.5E-24	80.9%	5
contig00314	rna polymerase beta chain	476	10	1.8E-51	70.8%	4
contig00091	glutamine synthase clone isoform 2	128	10	7.8E-22	100%	4

contig00592	leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	168	10	3.0E-27	96%	4
contig00048	ribosomal protein partial	109	10	1.3E-15	98.8%	4
contig00375	adenylate kinase isoenzyme 6 homolog	170	10	1.3E-12	74.8%	4
contig00379	acyl acp-thioesterase	141	10	4.4E-23	99.1%	4
contig00636	photosystem ii protein partial	361	10	9.0E-77	97.6%	3
contig00504	cell wall-associated hydrolase	597	10	1.2E-56	89.7%	3
contig00385	cell wall-associated partial	499	10	1.6E-62	91.1%	3
contig00109	cell wall-associated partial	542	10	4.8E-64	93.4%	3
contig00125	cell wall-associated partial	1226	10	2.2E-134	93.4%	3
contig00230	elongation factor 1-delta-like isoform x2	221	10	4.0E-10	95.7%	3
contig00603	ferric reduction oxidase 6-like	249	10	5.5E-39	91.1%	3
contig00386	metal transporter nramp5	982	10	1.8E-70	89.1%	3
contig00258	cell wall-associated partial	697	10	2.1E-50	89.1%	3
contig00676	metal transporter nramp5	691	10	9.0E-78	90.5%	3
contig00513	metal transporter nramp5	1260	10	1.2E-117	86.9%	3
contig00012	nadh dehydrogenase subunit 2	191	10	6.5E-33	99.8%	3
contig00033	nadh dehydrogenase subunit 4	551	10	5.6E-89	97.3%	3
contig00443	40s ribosomal protein s16-like	476	10	5.0E-83	89.6%	3
contig00479	peroxisomal -2-hydroxy-acid oxidase glo1-like	128	10	2.1E-20	100%	3
contig00296	zgc:158463 protein	535	10	1.1E-23	48.6%	3
contig00221	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkbp20-1	152	10	1.4E-25	98.6%	3
contig00669	bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate aspartate-prephenate aminotransferase	411	7	8.3E-12	65.57%	3
contig00547	PsbA (chloroplast)	133	1	5.7E-13	85%	3
contig00226	bark storage protein a	324	10	1.6E-67	89.6%	2
contig00631	non-specific phospholipase c1	219	10	2.5E-24	92.7%	2
contig00148	glucan endo- -beta-glucosidase 5	544	10	9.4E-52	94.2%	2
contig00502	2-hydroxyisoflavanone dehydratase-like	431	10	6.6E-26	73.6%	2
contig00682	cell wall-associated hydrolase	727	10	2.2E-81	82.6%	2
contig00588	cell wall-associated partial	361	10	4.6E-35	69.2%	2
contig00415	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein sgpp	267	10	1.4E-25	88.6%	2
contig00529	protein auxin signaling f-box 2-like	231	10	2.2E-35	89%	2
contig00609	nodulin-related family protein	483	10	1.0E-36	81.2%	2
contig00545	protein translation factor sui1 homolog	178	10	3.9E-20	100%	2
contig00239	phototropic-responsive nph3 family protein isoform 1	403	10	5.4E-10	54%	2
contig00608	c2 domain-containing family protein	433	10	1.2E-25	61.4%	2
contig00173	topless-related protein 3-like	188	10	8.5E-22	77%	1
	Metal iyon bağlayıcı					
Referans Genomun	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Kontig Bilgisi						
contig00187	root r-b1-like	394	10	2.6E-34	95.8%	4
	Metilasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00269	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2	314	10	1.4E-23	87.1%	8
contig00665	cinnamate 4-hydroxylase	569	10	2.0E-126	97.1%	6
	D-laktat için methylglyoxal katabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10
	Mikrotübül tabanlı süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00281	beta- partial	256	10	1.4E-41	85%	8
contig00019	cytochrome c oxidase subunit 2	436	10	1.5E-54	99.6%	7
contig00121	atp synthase subunit partial	474	10	2.8E-105	99.7%	7
	Mitokondrial elektron transportu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00192	probable protein phosphatase 2c 27	332	10	8.0E-50	95.1%	7
	mRNA işleme					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00371	ubiquitin	151	10	2.5E-27	100%	4
	Çok hücreli organizma gelişimi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
	Katalitik aktivitenin negatif regülasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00269	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2	314	10	1.4E-23	87.1%	8
contig00522	probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 51	183	10	1.7E-26	89.4%	7

	Azot bileşiği metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
contig00035	nadh dehydrogenase subunit 6	440	10	3.3E-61	91%	5
	Fotokimyasal olmayan su verme işlemi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
	N-terminal protein miristoilasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00235	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit c	433	10	1.3E-50	92.3%	7
contig00056	formamidase isoform x2	155	10	1.8E-26	98.6%	2
contig00112	gdsl esterase lipase cprd49-like	122	10	1.7E-14	86.3%	2
	Nükleer transkribe edilmiş mRNA katabolik işlem					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00382	hypothetical protein PhapfoPp088	393	8	8.3E-22	77.5%	3
	Nükleik asit fosfodiester bağı hidrolizi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00641	rrna intron-encoded homing endonuclease	572	10	1.2E-80	77.9%	2
contig00563	rrna intron-encoded homing partial	347	10	1.5E-53	95.5%	2
contig00410	fructose-bisphosphate aldolase cytoplasmic isozyme-like	185	10	7.5E-20	95.8%	2
contig00117	glycylpeptide n-tetradecanoyltransferase 1-like	174	10	3.2E-24	90.9%	2
	Nükleositoplazmik taşıma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
	Nükleozid metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00591	PREDICTED: uncharacterized protein	190	4	6.1E-7	81.5%	4

	LOC100248456					
contig00321	endo- -beta-glucanase	243	10	3.4E-34	91.1%	2
contig00265	endo- -beta-glucanase	366	10	5.2E-25	85%	2
	Nükleotit bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00200	bglc_oleeu ame: full=beta-glucosidase short=	117	3	4.4E-16	87%	2
	Nükleotid biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10
	Nükleotid fosforilasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00293	adenylate kinase b	148	10	2.1E-25	97.3%	3
contig00440	heat shock 70 kda mitochondrial	313	10	3.7E-60	98.2%	3
contig00374	atp-citrate synthase alpha chain protein 1	115	10	5.2E-18	100%	3
	Oligopeptid taşımacılığı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00146	mitochondrial outer membrane protein porin 1-like	218	10	1.5E-21	73%	5
	Organik madde taşımacılığı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
	Yükseltgenme-indirgenme işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00528	phosphomevalonate kinase-like	174	10	3.0E-22	91.3%	5
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
contig00673	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large partial	330	10	4.9E-64	92%	7

contig00575	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	610	10	5.3E-106	84.6%	7
contig00377	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	243	10	8.6E-40	90.3%	7
contig00166	alpha-mannosidase 2x	264	10	2.6E-50	92.1%	7
contig00462	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	455	10	1.1E-69	97%	7
contig00685	23s ribosomal rna	309	10	7.4E-22	95%	6
contig00665	cinnamate 4-hydroxylase	569	10	2.0E-126	97.1%	6
contig00566	g-type lectin s-receptor-like serine threonine-protein kinase at2g19130	268	10	3.4E-26	88.4%	6
contig00679	cytochrome b559 subunit alpha	206	6	7.9E-19	82.17%	6
contig00068	plastocyanin chloroplast	455	10	7.4E-34	73.2%	5
contig00511	elongation factor chloroplastic	446	10	1.0E-75	88.8%	5
contig00305	protein nrt1 ptr family -like	353	10	1.6E-15	56.2%	5
contig00371	ubiquitin	151	10	2.5E-27	100%	4
contig00337	BnaUnng00860D	476	10	7.7E-61	83.7%	4
contig00106	23s ribosomal rna	223	10	9.2E-30	98.4%	4
contig00164	cdpk-related kinase 3-like	290	10	3.9E-21	75.3%	4
contig00634	ferric reduction oxidase 6-like	401	10	3.6E-21	77.7%	3
contig00165	monosaccharide-sensing protein 2	171	10	3.5E-23	86.5%	3
contig00597	probable inorganic phosphate transporter 1-9	235	10	3.8E-34	84%	3
contig00295	adenylate kinase 4-like	172	10	1.2E-23	95.8%	3
contig00237	translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	391	10	3.9E-24	58.4%	3
contig00030	nadh dehydrogenase subunit 2	136	9	2.2E-12	79.67%	3
contig00539	cytochrome p450 like_tbp	537	10	1.9E-69	77.2%	2
contig00428	cytochrome p450 like_tbp	553	10	3.2E-77	66.4%	2
contig00275	cytochrome p450 like_tbp	666	10	7.2E-56	74.4%	2
contig00512	cytochrome p450 like_tbp	1253	10	1.9E-114	84.6%	2
contig00594	senescence-associated protein	252	10	7.3E-41	94.8%	2
contig00240	probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 6 isoform x2	261	10	1.3E-38	86%	2
contig00227	bark storage protein a	145	10	1.1E-26	91%	2
	Oksidatif fosforilasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	cytochrome c oxidase subunit 1	690	10	6.0E-95	96%	13
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	100%	11
	Para-aminobenzoik asit metabolizma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00392	nadh--cytochrome b5 reductase 1-like	145	10	4.2E-17	89.8%	7

	Pektin katabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00522	probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 51	183	10	1.7E-26	89.4%	7
	Pentasiklik triterpenoid biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
	Pentoz-fosfat değişimi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
	Peptidil-tirozin fosforilasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00585	beta- partial	151	10	1.7E-27	100%	7
	Petal formasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00008	unnamed protein product	492	2	5.3E-16	90%	5
	Fosforilasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00416	pyruvate cytosolic isozyme	354	10	2.3E-52	92.7%	5
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
contig00264	cinnamoyl- reductase 1-like	169	10	3.7E-14	88.1%	4
contig00334	elongation factor 2-like	131	10	2.3E-21	97%	4
	Fotoinhibisyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16

	Fotorespirasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00673	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large partial	330	10	4.9E-64	92%	7
contig00575	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	610	10	5.3E-106	84.6%	7
contig00377	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	243	10	8.6E-40	90.3%	7
	Fotosentez					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00662	auxin-induced protein 22d-like	399	10	2.1E-22	94.8%	5
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00491	cytochrome b6	819	10	5.3E-88	78.8%	8
contig00678	cytochrome b559 subunit alpha	258	10	2.3E-26	73.2%	6
contig00260	atp synthase cf0 a subunit	272	10	2.7E-38	100%	6
contig00388	rna polymerase beta subunit	258	10	1.2E-37	96%	5
contig00236	cell wall-associated partial	290	5	1.3E-12	67.6%	3
contig00472	ref srpp-like protein at1g67360	336	10	4.0E-35	72.2%	2
	Fotosentez ışık toplayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
contig00116	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	144	10	1.6E-20	99.7%	8
contig00389	photosystem ii cp47 partial	727	10	1.8E-46	90%	6
contig00330	glucose-6-phosphate phosphate translocator-related	111	10	1.4E-12	97%	8
	Fotosentetik elektron taşıma zinciri					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00639	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	233	10	1.6E-47	100%	7
contig00099	chloroplast chlorophyll a-b binding protein partial	113	10	1.7E-16	97%	6
contig00518	60s ribosomal protein l37-3	136	10	5.7E-22	100%	6
contig00550	atpase plasma membrane-type-like	201	10	8.4E-18	81.8%	6
contig00562	ycf9	277	10	2.6E-27	89.5%	5
contig00144	granule-bound starch synthase	338	10	2.2E-36	75.4%	3

	chloroplastic amyloplastic					
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	1085	10	0.0E0	99.4%	10
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9
contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00558	photosystem ii cp43 chlorophyll partial	455	10	9.4E-65	94.3%	8
contig00052	photosystem ii cp43 protein	333	10	4.8E-37	98%	8
contig00680	photosystem ii protein c	235	10	1.4E-27	97%	8
contig00535	chlorophyll a-b binding protein 1d	300	10	3.7E-43	100%	6
contig00247	snare-interacting protein keule-like	131	10	1.8E-11	82.6%	2
	Fotosistem II					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00260	atp synthase cf0 a subunit	272	10	2.7E-38	100%	6
contig00388	rna polymerase beta subunit	258	10	1.2E-37	96%	5
	Polen filizlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
	Pozitif Gravitropizma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	ein3-binding f-box protein 1	364	10	2.3E-36	73.2%	2
	Katalitik aktivitenin pozitif düzenlemesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Transkripsiyonun pozitif düzenlemesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast	237	10	2.2E-32	97.6%	34

	expressed					
	Post-embriyonik gelişim					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00199	bglc_oleeu ame: full=beta-glucosidase short=	146	9	1.4E-14	85.33%	2
	Posttranslasyonel proteinin zara hedeflenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00110	cytochrome c oxidase subunit partial	207	10	4.4E-12	74.5%	3
	Birincil metabolik süreç					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
	Prolile-tRNA Aminoaçilasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00071	proline--trna ligase	155	10	3.9E-28	100%	4
contig00437	tubulin beta-8 chain-like	301	10	1.1E-23	68.9%	4
contig00448	hydroxymethylglutaryl- synthase isoform x4	123	10	8.6E-16	94.7%	4
	Proteozomal protein katabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
contig00082	licodione synthase-like	344	10	3.0E-41	81.2%	6
contig00082	licodione synthase-like	344	10	3.0E-41	81.2%	6
	Protein autoubiquitinasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00644	cytochrome b6-f complex subunit iv	202	10	2.5E-24	94%	6
contig00315	zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 5-like	234	10	1.1E-32	88.2%	7
	Protein katlanması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00441	mitochondrial hso70 2	136	10	1.4E-19	97%	10

contig00476	cathepsin b-like	130	10	1.0E-7	98.2%	3
contig00346	serine threonine-protein phosphatase pp1 isozyme 2	300	10	1.4E-35	79.5%	3
contig00485	e3 ubiquitin-protein ligase keg	349	10	2.2E-49	88.6%	3
	Protein olgunlaştırılması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00340	-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3	124	10	7.7E-20	98.2%	7
contig00267	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	229	10	4.8E-18	81%	7
	Protein peptidil-prolil izomerleştirmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00346	serine threonine-protein phosphatase pp1 isozyme 2	300	10	1.4E-35	79.5%	3
contig00485	e3 ubiquitin-protein ligase keg	349	10	2.2E-49	88.6%	3
	Protein fosforilasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
contig00046	ribosomal protein l16	439	10	3.8E-74	97.1%	6
contig00113	apyrase 2	148	10	1.0E-8	68.7%	6
contig00020	low quality protein: cytochrome c oxidase subunit 2	157	3	8.0E-15	67.33%	6
contig00027	nadh dehydrogenase subunit partial	657	10	3.9E-107	91.9%	4
contig00262	eukaryotic initiation factor 4a-13	178	10	1.6E-30	97.6%	4
contig00655	cyclin-dependent kinase c-2	118	10	7.4E-18	100%	3
contig00178	receptor-like protein kinase feronia	181	10	2.7E-22	84.3%	3
contig00152	shaggy-related protein kinase eta-like	198	10	9.7E-35	96.2%	3
contig00670	serine threonine-protein kinase afc2 isoform x2	313	10	1.5E-30	90.1%	3
contig00607	transcription factor	251	10	3.7E-10	70.9%	3
contig00492	protein argonaute 1-like	128	10	1.1E-19	92.5%	3
	Protein polimerizasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00281	beta- partial	256	10	1.4E-41	85%	8
contig00019	cytochrome c oxidase subunit 2	436	10	1.5E-54	99.6%	7
contig00121	atp synthase subunit partial	474	10	2.8E-105	99.7%	7
	Protein ubikuitinasyonu					

Referans Genomun Kontig Bilgisi	Gen Adı	Uzunluk	#Hits	e-Value	Benzerlik	#GO
contig00591	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100248456	190	4	6.1E-7	81.5%	4
contig00086	e3 ubiquitin-protein ligase upl1-like	400	10	5.9E-66	84%	3
contig00115	e3 ubiquitin-protein ligase upl5	356	10	2.7E-38	80.8%	3
contig00486	geraniol dehydrogenase	325	10	7.1E-46	91.1%	3
contig00395	bromodomain-containing protein	209	10	2.8E-17	72.3%	3
	Protein-kromofor bağlanması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
contig00653	photosystem i p700 apoprotein a1	336	10	5.8E-53	97.6%	12
contig00100	photosystem i p700 apoprotein partial	416	10	2.2E-76	94.8%	12
contig00458	photosystem i apoprotein a2	309	10	6.6E-64	98%	11
contig00621	photosystem i p700 apoprotein a1	300	10	4.3E-45	88.8%	11
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	1085	10	0.0E0	99.4%	10
contig00605	photosystem ii protein d2	754	10	7.3E-60	99.5%	9
contig00475	photosystem ii protein d2	834	10	2.7E-126	90.1%	9
contig00116	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	144	10	1.6E-20	99.7%	8
contig00558	photosystem ii cp43 chlorophyll partial	455	10	9.4E-65	94.3%	8
contig00052	photosystem ii cp43 protein	333	10	4.8E-37	98%	8
contig00680	photosystem ii protein c	235	10	1.4E-27	97%	8
contig00535	chlorophyll a-b binding protein 1d	300	10	3.7E-43	100%	6
contig00678	cytochrome b559 subunit alpha	258	10	2.3E-26	73.2%	6
contig00389	photosystem ii cp47 partial	727	10	1.8E-46	90%	6
contig00550	atpase plasma membrane-type-like	201	10	8.4E-18	81.8%	6
	Proteoliz					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
contig00413	cell wall-associated hydrolase	832	10	1.5E-82	88.7%	4
contig00400	dna polymerase i chloroplastic mitochondrial	274	10	1.1E-15	70.6%	3
contig00488	serine carboxypeptidase-like 18	297	10	2.4E-10	80.4%	2
contig00474	subtilisin-like protease	227	10	3.4E-22	89.6%	2

contig00632	subtilisin-like protease	398	10	5.3E-53	78.4%	2
contig00331	adagio protein 1-like	299	10	3.1E-44	87.4%	2
contig00380	palmitoyl-acyl carrier protein chloroplastic	193	10	5.0E-28	90.1%	2
contig00195	serine threonine-protein kinase tor	190	10	3.2E-18	80%	5
	Proton taşınımı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00111	atpase subunit 8	248	10	9.6E-18	94.4%	8
	Proton taşıyan V-tipi ATPaz kompleksi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00065	vacuolar proton atpase a1 isoform 2	150	10	2.5E-19	92.2%	8
	PSII ilişkili ışık toplama kompleksi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16
	Pürin nükleotid taşımacılığı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00041	ribosomal protein l10	202	10	2.0E-16	92.7%	2
	Piridoksal fosfat biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Radyal eksen belirleme					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	lrr receptor-like serine threonine-protein kinase rpk2	212	10	1.8E-28	92.4%	9
	Polen tanınması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00020	low quality protein: cytochrome c oxidase subunit 2	157	3	8.0E-15	67.33%	6

	İndirgeyici pentose-phosphate döngüsü					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00673	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large partial	330	10	4.9E-64	92%	7
contig00575	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	610	10	5.3E-106	84.6%	7
contig00377	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	243	10	8.6E-40	90.3%	7
	Anyon kanalı aktivitesinin düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
contig00289	aminopeptidase m1	275	10	7.5E-24	91.3%	9
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
	Katalitik aktivitenin düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00131	gamma-glutamyltranspeptidase 3	136	10	1.8E-19	87.5%	3
	Hücre çoğalmasının düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00008	unnamed protein product	492	2	5.3E-16	90%	5
	Hücresel işlevin düzenlemesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
	Gelişimsel sürecin düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
	Protein defosforilasyonunun düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00330	glucose-6-phosphate phosphate translocator-related	111	10	1.4E-12	97%	8

	Protein fosfataz düzenlemesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00335	40s ribosomal protein s27-2	658	10	1.6E-17	100%	4
	Proton ulaşımının düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
	RNA metabolik sürecinin düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00269	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2	314	10	1.4E-23	87.1%	8
	Transkripsiyonun düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00315	zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 5-like	234	10	1.1E-32	88.2%	7
contig00433	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	153	10	1.0E-17	97.2%	5
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
contig00062	oxygen-evolving enhancer protein chloroplastic	314	10	2.8E-59	92%	6
contig00568	peroxiredoxin-2e- chloroplastic	403	10	1.0E-31	82.3%	6
contig00039	hypothetical protein M569_01740	199	8	3.6E-22	73.5%	5
contig00646	photosystem ii cp47 chlorophyll apoprotein	428	10	9.6E-40	72.4%	3
contig00163	long chain acyl- synthetase 4-like	125	10	1.4E-17	96.2%	3
contig00407	e3 ubiquitin protein ligase	145	10	1.6E-25	100%	3
contig00001	ribosomal protein s10	347	1	9.8E-11	88%	3
contig00272	dehydrin	446	10	2.4E-11	76%	1
contig00188	heat shock 70 kda protein 17	478	10	2.3E-7	62.6%	1
contig00134	ethylene-responsive transcription factor erf073	302	10	5.4E-12	78.2%	8
	Translasyonal başlamanın düzenlenmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00280	beta- partial	124	10	1.0E-21	100%	7
	Tek boyutlu hücre büyümesinin düzenlenmesi					
Referans Genomun	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Kontig Bilgisi						
contig00082	licodione synthase-like	344	10	3.0E-41	81.2%	6
	Solunum elektron taşıma zinciri					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00005	cytochrome c oxidase subunit 1	223	10	2.3E-29	100%	11
contig00491	cytochrome b6	819	10	5.3E-88	78.8%	8
contig00507	cell wall-associated partial	476	10	2.7E-56	81.3%	3
	Anoksi yanıtı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00134	ethylene-responsive transcription factor erf073	302	10	5.4E-12	78.2%	8
	Oksin yanıtı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00101	protein transport protein sec16b homolog	117	8	2.3E-9	80.5%	2
	Mavi ışık cevabı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Kitin cevabı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00315	zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 5-like	234	10	1.1E-32	88.2%	7
	Siklopentenon cevabı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00392	nadh--cytochrome b5 reductase 1-like	145	10	4.2E-17	89.8%	7
	Sitokinin cevabı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00132	ftsh protease 1 isoform 2	165	10	1.3E-19	100%	16

	Etilene cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00101	protein transport protein sec16b homolog	117	8	2.3E-9	80.5%	2
	Uzak kırmızı ışığa cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Mantara cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00689	tubby-like f-box protein 8	228	10	1.7E-25	91%	11
	Herbisit cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00628	partial	505	10	1.1E-107	99.9%	10
contig00667	photosystem ii d1 partial	675	10	2.5E-132	99.9%	10
contig00285	photosystem ii protein d1	632	10	7.3E-127	99.8%	10
contig00548	photosystem ii protein d1	735	10	2.9E-161	99.7%	10
contig00624	photosystem ii protein d1	943	10	4.9E-160	97.9%	10
contig00212	photosystem ii protein d1	1085	10	0.0E0	99.4%	10
	Yüksek ışık yoğunluğuna cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
	Lipid hidroperoksit yanıtı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Yanlış katlanmış proteine tepki					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00082	licodione synthase-like	344	10	3.0E-41	81.2%	6
	İyonik olmayan osmotik strese cevap					

Referans Genomun Kontig Bilgisi	Gen Adı	Uzunluk	#Hits	e-Value	Benzerlik	#GO
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Kırmızı ışığa cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Uyarıcıya cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
contig00037	m030_arath ame: full=uncharacterized mitochondrial protein g00030 ame: full=orf107a	169	8	7.0E-31	96.63%	1
contig00127	orf148 gene product	527	4	5.5E-20	56.75%	1
	Strese cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00219	dehydrin rab18-like	180	8	2.3E-9	69.63%	1
	Sükroz için cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
	UV-B cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Su ihtiyacına cevap					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00644	cytochrome b6-f complex subunit iv	202	10	2.5E-24	94%	6
	Ribozom					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00187	root r-b1-like	394	10	2.6E-34	95.8%	4

	RNA metilasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00268	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770 isoform x1	134	10	2.4E-20	97.6%	6
	rRNA işleme					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00189	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic	397	10	2.0E-50	97.8%	15
	Sepal oluşumu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00008	unnamed protein product	492	2	5.3E-16	90%	5
	Sinyal iletimi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00335	40s ribosomal protein s27-2	658	10	1.6E-17	100%	4
contig00304	vacuolar-processing enzyme-like	155	10	1.1E-16	91.1%	2
contig00241	raffinose synthase family protein isoform 1	147	10	3.2E-18	94.6%	2
	Tek organizma süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
contig00068	plastocyanin chloroplast	455	10	7.4E-34	73.2%	5
contig00312	nuclear pore complex protein nup96	279	10	1.4E-31	78.1%	13
contig00264	cinnamoyl- reductase 1-like	169	10	3.7E-14	88.1%	4
	Nişasta biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Sterol biyosentetik süreci					
Referans	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Genomun Kontig Bilgisi						
contig00301	ethylene-responsive transcription factor 12	333	10	5.5E-28	60.2%	5
	Ribozomun yapısal bileşeni					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00187	root r-b1-like	394	10	2.6E-34	95.8%	4
	Sistem geliştirme					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00199	bglc_oleeu ame: full=beta-glucosidase short=	146	9	1.4E-14	85.33%	2
	Tilakoit membran organizasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Toksin katabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00392	nadh--cytochrome b5 reductase 1-like	145	10	4.2E-17	89.8%	7
	Transkripsiyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00433	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase	153	10	1.0E-17	97.2%	5
contig00134	ethylene-responsive transcription factor erf073	302	10	5.4E-12	78.2%	8
contig00062	oxygen-evolving enhancer protein chloroplastic	314	10	2.8E-59	92%	6
contig00568	peroxiredoxin-2e- chloroplastic	403	10	1.0E-31	82.3%	6
contig00559	clathrin heavy chain 1-like	388	10	1.4E-40	89.3%	5
contig00039	hypothetical protein M569_01740	199	8	3.6E-22	73.5%	5
contig00070	proline--trna ligase	122	10	4.1E-17	98.8%	4
contig00648	cell wall-associated hydrolase	296	10	6.7E-30	91.4%	3
	Translasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00016	atp synthase subunit alpha	1892	10	2.1E-86	86.7%	12
contig00268	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770 isoform	134	10	2.4E-20	97.6%	6

	x1					
contig00081	auxin response factor 19-like	221	10	1.9E-27	83.9%	6
contig00580	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 isoform 3	208	10	2.7E-20	88.7%	6
contig00047	ribosomal protein partial	368	10	1.7E-50	88.5%	4
contig00015	nadh dehydrogenase subunit 9	704	10	1.3E-75	99.4%	4
contig00411	serine threonine protein phosphatase 2a 57 kda regulatory subunit b beta isoform-like	374	10	6.9E-57	86.5%	4
contig00150	premnaspirodiene oxygenase-like	369	10	6.9E-23	66.5%	3
contig00104	palmitoyl-acyl carrier protein chloroplastic	150	10	8.7E-20	89%	3
contig00283	binding protein	154	10	2.1E-23	97.6%	2
contig00187	root r-b1-like	394	10	2.6E-34	95.8%	4
contig00690	cell wall-associated hydrolase	670	10	3.1E-73	82.4%	5
contig00602	ferric reduction oxidase 6-like	268	10	6.1E-21	76.7%	3
contig00613	BnaUnng00860D	374	9	3.2E-25	82.56%	4
contig00147	e3 ubiquitin-protein ligase upl1-like	146	10	3.1E-19	89.2%	3
contig00376	methanol o-anthraniloyltransferase	405	10	1.2E-54	75.1%	2
	Transmembran taşımacılığı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00111	atpase subunit 8	248	10	9.6E-18	94.4%	8
contig00043	nadh dehydrogenase subunit 4l	433	10	1.6E-31	92.6%	5
contig00532	aquaporin pip2-2	181	10	1.6E-28	95.2%	3
contig00533	aquaporin pip2-7-like	252	10	2.3E-33	88.4%	3
contig00629	adp atp carrier 3 isoform 1	329	10	2.6E-28	67.6%	2
contig00018	transport membrane protein	490	10	6.8E-75	86.5%	2
	Taşıma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00010	atpase subunit 6	403	10	3.6E-20	55.1%	11
contig00029	nadh dehydrogenase subunit 2	529	10	4.2E-107	99.2%	8
contig00024	nadh dehydrogenase subunit 5	219	10	1.5E-24	80.9%	5
contig00146	mitochondrial outer membrane protein porin 1-like	218	10	1.5E-21	73%	5
contig00633	aquaporin-like partial	109	10	1.6E-14	98.5%	3
contig00329	triose phosphate translocator	113	10	1.4E-15	100%	3
contig00143	dnaj protein erdj2a-like isoform x1	421	10	2.5E-14	78.7%	3
contig00405	cytochrome b6	434	10	7.2E-32	63.1%	3
contig00505	cell wall-associated partial	520	10	2.2E-54	89.5%	3
contig00108	cell wall-associated hydrolase	576	10	1.3E-26	88.1%	3
	Trioz fosfat transmembran taşımacılığı					

Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00330	glucose-6-phosphate phosphate translocator-related	111	10	1.4E-12	97%	8
	Ubikuitin-bağımlı protein katabolik işlem					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00541	ycf68 protein	153	10	2.6E-15	89.8%	4
	UDP-ramnoz biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00523	probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	194	10	1.2E-25	92.2%	10
	Doymamış yağ asiti biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	Vezikül aracılı taşıma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00234	alg-2 interacting protein x	111	10	5.5E-13	99.4%	2
contig00567	PREDICTED: galactokinase-like	163	10	7.0E-24	92.2%	5
	B6 vitamini biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00620	probable pyridoxal biosynthesis protein pdx1	384	10	3.7E-78	98.9%	17
	Vitamin metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00438	fructose-bisphosphate chloroplast expressed	237	10	2.2E-32	97.6%	34
	ksilan biyosentetik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00585	beta- partial	151	10	1.7E-27	100%	7
contig00046	ribosomal protein l16	439	10	3.8E-74	97.1%	6

Ek 4: Kasım Pedisel dokusunda blast2go sonuçlarına göre hücresel bileşenlerde yer alan transkriptler

	Hücresel bileşenler					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00475	glutaredoxin family protein	301	10	5,37E-44	90.8%	5
contig00026	thioredoxin-like chloroplastic	167	10	2,80E-17	96.8%	5
contig00139	selt-like protein	179	10	1,60E-24	93.0%	3
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00285	cytochrome b6	837	10	4,32E-84	100.0%	8
contig00473	photosystem ii 44 kda partial	148	10	3,50E-19	94.6%	8
contig00418	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	441	10	9,09E-54	97.6%	8
contig00032	atp binding cassette subfamily b4 isoform 2	630	10	1,52E-42	93.7%	7
contig00367	cytochrome b6 subunit	625	10	4,04E-33	90.2%	7
contig00010	nadh dehydrogenase subunit 5	394	10	2,87E-53	98.0%	7
contig00013	nadh dehydrogenase subunit 2	146	10	1,64E-17	99.7%	6
contig00014	nadh dehydrogenase subunit 2	292	10	5,51E-36	94.8%	6
contig00011	nadh dehydrogenase subunit 5	373	10	1,81E-23	96.3%	6
contig00012	nadh dehydrogenase subunit partial	132	10	3,92E-15	100.0%	6
contig00178	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump	243	10	1,80E-33	89.8%	6
contig00179	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	219	10	1,48E-15	82.8%	6
contig00290	ribulose bisphosphate carboxylase large chain	217	9	1,73E-14	88.22%	6

contig00027	cytochrome c biogenesis c	370	10	3,39E-50	88.3%	5
contig00289	metal transporter nramp5	293	10	8,03E-28	88.9%	5
contig00291	metal transporter nramp5	163	10	9,96E-15	84.5%	5
contig00149	partial	146	10	3,29E-07	94.0%	5
contig00419	partial	321	10	2,21E-62	99.8%	5
contig00144	v-type proton atpase 16 kda proteolipid subunit-like	263	10	1,30E-24	95.5%	5
contig00142	abc transporter g family member 15-like	289	10	4,65E-42	88.4%	4
contig00326	hypersensitive-induced response protein 1	423	10	8,32E-39	96.0%	4
contig00066	mlo-like protein 10	221	10	1,80E-11	80.5%	4
contig00018	nadh dehydrogenase subunit 6	524	10	2,96E-60	99.0%	4
contig00040	probable protein s-acyltransferase 14	549	10	2,28E-13	92.6%	4
contig00457	aquaporin tip2-1-like	389	10	1,07E-34	78.2%	3
contig00358	boron transporter 4-like isoform x1	123	10	9,21E-07	85.0%	3
contig00239	mitochondrial carnitine acylcarnitine carrier-like protein	333	10	1,25E-30	97.1%	3
contig00110	protein nrt1 ptr family -like	379	10	1,05E-54	84.0%	3
contig00133	vacuolar cation proton exchanger 3	118	10	1,30E-03	88.6%	3
contig00364	cation calcium exchanger 1	462	10	1,24E-74	64.3%	2
contig00169	integral membrane family protein	354	10	1,69E-06	81.1%	2
contig00251	senescence associated gene	323	10	4,64E-21	74.6%	2
contig00240	mitochondrial carnitine acylcarnitine carrier-like protein	387	10	2,51E-23	76.2%	1
contig00118	PREDICTED: uncharacterized protein LOC105953700	344	10	5,29E-60	88.7%	1
contig00046	senescence-associated protein	171	10	8,79E-23	97.4%	1
contig00317	tetraspanin-3- partial	212	10	3,48E-27	83.9%	1
contig00253	cytochrome b-559 alpha partial	604	10	7,37E-38	92.7%	8
	Kloroplast					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00315	hypothetical protein AMTR_s00061p00179620	348	10	1,99E-24	78.6%	2
	Kromozom					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00461	probable histone h2a variant 3	341	10	2,12E-52	98.8%	5
	Sitoplazma					
Referans	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Genomun Kontig Bilgisi						
contig00131	soluble inorganic pyrophosphatase	107	10	7,93E-11	100.0%	4
contig00429	ubiq_helan ame: full=ubiquitin flags: precursor	282	10	4,83E-21	100.0%	2
contig00221	ubiquitin partial	170	10	3,53E-27	100.0%	2
	Hücre iskeleti					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
	Sitozol					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00130	soluble inorganic pyrophosphatase	124	10	3,81E-14	96.4%	4
	Golgi cisimciği					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00326	hypersensitive-induced response protein 1	423	10	8,32E-39	96.0%	4
	Zar bileşenleri					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00081	polyol transporter 5-like isoform x2	591	10	1,44E-40	57.9%	8
contig00007	hypothetical protein B456_001G161700	567	2	4,02E-20	75.5%	6
contig00183	heptahelical transmembrane protein 4-like	329	10	2,67E-21	68.3%	1
contig00379	senescence-associated protein	836	10	1,10E-88	79.0%	1
	Hücre içi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00104	adp-ribosylation factor-like protein 8b	178	10	1,25E-09	82.2%	9

contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00004	succinate dehydrogenase subunit 3	429	3	7,06E-09	90.0%	7
contig00087	f-box protein skip16	221	10	1,68E-34	89.7%	4
contig00411	adp-ribosylation partial	121	10	1,03E-15	100.0%	3
contig00078	nucleolar protein 14	185	10	4,20E-05	74.1%	1
contig00079	nucleolar protein 14	191	10	1,63E-18	80.3%	1
	Zar					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00081	polyol transporter 5-like isoform x2	591	10	1,44E-40	57.9%	8
contig00007	hypothetical protein B456_001G161700	567	2	4,02E-20	75.5%	6
	Mikrotübül organizasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
	Mitokondri					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00010	nadh dehydrogenase subunit 5	394	10	2,87E-53	98.0%	7
contig00004	succinate dehydrogenase subunit 3	429	3	7,06E-09	90.0%	7
contig00469	nadh dehydrogenase	149	10	2,86E-11	83.2%	6
contig00013	nadh dehydrogenase subunit 2	146	10	1,64E-17	99.7%	6
contig00014	nadh dehydrogenase subunit 2	292	10	5,51E-36	94.8%	6
contig00011	nadh dehydrogenase subunit 5	373	10	1,81E-23	96.3%	6
contig00012	nadh dehydrogenase subunit partial	132	10	3,92E-15	100.0%	6
contig00008	ribosomal protein s7	133	10	9,86E-17	99.7%	6
contig00027	cytochrome c biogenesis c	370	10	3,39E-50	88.3%	5

contig00291	metal transporter nramp5	163	10	9,96E-15	84.5%	5
contig00018	nadh dehydrogenase subunit 6	524	10	2,96E-60	99.0%	4
contig00024	ribosomal protein s3	408	6	1,39E-15	78.33%	4
contig00264	cell wall-associated partial	897	10	6,30E-32	89.8%	3
contig00416	cell wall-associated partial	322	9	1,05E-22	86.33%	3
contig00294	metal transporter nramp5	947	10	1,93E-87	86.7%	3
contig00385	metal transporter nramp5	795	10	6,77E-92	90.5%	3
contig00157	uncharacterised protein	641	10	4,12E-40	67.1%	3
contig00020	cell wall-associated hydrolase	1769	10	3,53E-155	79.6%	1
contig00229	metal transporter nramp5	1029	10	6,85E-59	82.9%	1
contig00289	metal transporter nramp5	293	10	8,03E-28	88.9%	5
	Moleküler fonksiyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00264	cell wall-associated partial	897	10	6,30E-32	89.8%	3
contig00416	cell wall-associated partial	322	9	1,05E-22	86.33%	3
	Çekirdek					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00454	histone acetyltransferase hac1-like isoform x2	318	10	3,41E-10	65.2%	7
contig00463	dna ligase 1-like	132	10	2,68E-11	85.2%	5
contig00016	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like	123	10	1,55E-08	85.9%	5
contig00017	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like isoform x1	196	10	6,70E-08	77.1%	5
contig00461	probable histone h2a variant 3	341	10	2,12E-52	98.8%	5
contig00257	nac transcription factor 29-like	156	4	2,44E-09	84.25%	4
contig00429	ubiq_helan ame: full=ubiquitin flags: precursor	282	10	4,83E-21	100.0%	2
contig00221	ubiquitin partial	170	10	3,53E-27	100.0%	2
	Plazma zarı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00169	integral membrane family protein	354	10	1,69E-06	81.1%	2
	Plastit					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
contig00253	cytochrome b-559 alpha partial	604	10	7,37E-38	92.7%	8
contig00285	cytochrome b6	837	10	4,32E-84	100.0%	8
contig00473	photosystem ii 44 kda partial	148	10	3,50E-19	94.6%	8
contig00418	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	441	10	9,09E-54	97.6%	8
contig00328	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	546	10	1,15E-114	93.8%	8
contig00367	cytochrome b6 subunit	625	10	4,04E-33	90.2%	7
contig00243	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase chloroplastic	211	10	2,39E-19	79.0%	7
contig00136	cytochrome f	307	10	2,21E-30	86.1%	6
contig00008	ribosomal protein s7	133	10	9,86E-17	99.7%	6
contig00419	partial	321	10	2,21E-62	99.8%	5
contig00148	ribosomal protein s14	419	10	5,76E-44	96.9%	5
contig00426	23s ribosomal rna	483	10	1,45E-54	92.2%	4
contig00356	partial	492	10	2,83E-69	79.8%	4
contig00313	photosystem ii d1 partial	292	10	2,95E-46	100.0%	4
contig00115	photosystem ii d2 protein	406	10	5,99E-54	100.0%	4
contig00430	ycf68 protein	543	10	1,96E-44	91.7%	4
contig00055	cell wall-associated hydrolase	381	10	2,99E-43	86.0%	3
contig00060	cell wall-associated hydrolase	1192	10	5,81E-96	84.8%	3
contig00250	cell wall-associated hydrolase	682	10	5,74E-62	86.7%	3
contig00288	cell wall-associated hydrolase	487	10	1,81E-34	87.4%	3
contig00388	cell wall-associated hydrolase	713	10	2,07E-70	87.8%	3
contig00446	cell wall-associated hydrolase	474	10	2,25E-58	84.3%	3
contig00477	cell wall-associated hydrolase	296	10	4,33E-43	91.4%	3
contig00394	chloroplast rf68	361	10	6,01E-09	76.8%	3
contig00239	mitochondrial carnitine acylcarnitine carrier-like protein	333	10	1,25E-30	97.1%	3
contig00422	ycf3 protein	296	10	6,99E-20	97.9%	3
contig00315	hypothetical protein AMTR_s00061p00179620	348	10	1,99E-24	78.6%	2
contig00414	hypothetical chloroplast rf68	365	7	4,09E-25	82.0%	1
contig00401	hypothetical protein PhapfoPp032	510	2	5,24E-03	83.5%	1

contig00349	hypothetical protein SOVF_005950 isoform C	285	3	6,69E-09	82.33%	1
contig00052	ORF124	221	10	2,79E-20	92.3%	1
contig00138	ORF124	329	10	2,60E-26	86.5%	1
contig00223	ORF137	486	8	9,65E-31	68.5%	1
contig00198	unknow protein	144	6	3,00E-07	76.17%	1
contig00295	unknow protein	227	10	8,54E-39	94.4%	1
contig00309	unknow protein	445	10	1,11E-40	80.6%	1
contig00403	ycf68 protein	408	10	3,28E-63	89.5%	1
contig00149	partial	146	10	3,29E-07	94.0%	5
	Proteozom kompleksi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00143	26s proteasome non-atpase regulatory subunit 11 homolog	616	10	1,41E-23	65.4%	1
	Protein kompleksi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00253	cytochrome b-559 alpha partial	604	10	7,37E-38	92.7%	8
contig00473	photosystem ii 44 kda partial	148	10	3,50E-19	94.6%	8
contig00418	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	441	10	9,09E-54	97.6%	8
contig00010	nadh dehydrogenase subunit 5	394	10	2,87E-53	98.0%	7
contig00004	succinate dehydrogenase subunit 3	429	3	7,06E-09	90.0%	7

contig00149	partial	146	10	3,29E-07	94.0%	5
contig00461	probable histone h2a variant 3	341	10	2,12E-52	98.8%	5
contig00144	v-type proton atpase 16 kda proteolipid subunit-like	263	10	1,30E-24	95.5%	5
contig00087	f-box protein skip16	221	10	1,68E-34	89.7%	4
	Ribozom					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00008	ribosomal protein s7	133	10	9,86E-17	99.7%	6
contig00148	ribosomal protein s14	419	10	5,76E-44	96.9%	5
contig00053	23s ribosomal rna	291	10	2,23E-25	98.4%	4
contig00426	23s ribosomal rna	483	10	1,45E-54	92.2%	4
contig00063	60s ribosomal protein l5-like	117	10	3,30E-12	99.4%	4
contig00064	ribosomal protein l5 b isoform 2	128	10	1,30E-14	98.5%	4
contig00222	ribosomal protein partial	272	10	3,35E-36	94.9%	4
contig00024	ribosomal protein s3	408	6	1,39E-15	78.33%	4
contig00434	60s ribosomal protein l12	527	10	3,69E-75	95.3%	3
contig00441	hypothetical protein MIMGU_mgv1a021698mg, partial	208	5	6,62E-10	86.8%	3
contig00153	40s ribosomal protein s10-like	205	10	1,71E-19	90.0%	1
contig00399	40s ribosomal protein s10-like	217	10	1,69E-29	100.0%	1
	Tilakoid					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00253	cytochrome b-559 alpha partial	604	10	7,37E-38	92.7%	8
contig00285	cytochrome b6	837	10	4,32E-84	100.0%	8
contig00473	photosystem ii 44 kda partial	148	10	3,50E-19	94.6%	8
contig00418	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	441	10	9,09E-54	97.6%	8
contig00367	cytochrome b6 subunit	625	10	4,04E-33	90.2%	7
contig00136	cytochrome f	307	10	2,21E-30	86.1%	6

contig00149	partial	146	10	3,29E-07	94.0%	5
contig00422	ycf3 protein	296	10	6,99E-20	97.9%	3
	Vakuol					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00144	v-type proton atpase 16 kda proteolipid subunit-like	263	10	1,30E-24	95.5%	5
contig00326	hypersensitive-induced response protein 1	423	10	8,32E-39	96.0%	4

Ek 5: Kasım pedisel dokusunda blast2go sonuçlarına göre moleküler fonksiyonda yer alan transkriptler

	ATPaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00032	atp binding cassette subfamily b4 isoform 2	630	10	1,52E-42	93.7%	7
contig00142	abc transporter g family member 15-like	289	10	4,65E-42	88.4%	4
	Katalitik aktivite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00396	cysteine partial	198	10	2,57E-04	61.4%	5
	Bakır iyon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	hypothetical protein B456_001G161700	567	2	4,02E-20	75.5%	6
	Sistein desülfüraz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00396	cysteine partial	198	10	2,57E-04	61.4%	5
	Sitokrom-c oksidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	hypothetical protein B456_001G161700	567	2	4,02E-20	75.5%	6
	DNA bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00461	probable histone h2a variant 3	341	10	2,12E-52	98.8%	5
contig00257	nac transcription factor 29-like	156	4	2,44E-09	84.25%	4
contig00187	transcription factor myb108-like	130	10	1,72E-15	100.0%	2
contig00329	heat stress transcription factor a-	360	5	8,53E-11	73.0%	1

	2-like					
contig00105	probable atp-dependent dna helicase chr12	620	9	4,53E-04	88.33%	3
	Endonükleaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00428	rrna intron-encoded homing endonuclease	426	10	1,42E-44	71.5%	2
	Enzim bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00326	hypersensitive-induced response protein 1	423	10	8,32E-39	96.0%	4
	GDP-D glikoz fosforilaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00088	unnamed protein product	149	1	3,27E-01	76.0%	2
	Histon asetiltransferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00454	histone acetyltransferase hac1-like isoform x2	318	10	3,41E-10	65.2%	7
	Histon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00105	probable atp-dependent dna helicase chr12	620	9	4,53E-04	88.33%	3
	Hidrolaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00157	uncharacterised protein	641	10	4,12E-40	67.1%	3
contig00123	cell wall-associated hydrolase	562	10	5,14E-38	70.7%	2
contig00219	gdsl esterase lipase at1g29670-like	291	10	2,66E-20	73.6%	2
contig00112	alpha-l-fucosidase 2	228	10	1,21E-23	91.4%	2
contig00322	bglc_oleeu ame: full=beta-glucosidase short=	319	10	6,24E-16	73.4%	2
contig00173	chitinase family protein	189	10	1,99E-13	73.4%	2
contig00120	probable trehalase	478	10	6,02E-16	91.8%	2

	İyon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00104	adp-ribosylation factor-like protein 8b	178	10	1,25E-09	82.2%	9
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
contig00253	cytochrome b-559 alpha partial	604	10	7,37E-38	92.7%	8
contig00285	cytochrome b6	837	10	4,32E-84	100.0%	8
contig00418	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	441	10	9,09E-54	97.6%	8
contig00328	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	546	10	1,15E-114	93.8%	8
contig00032	atp binding cassette subfamily b4 isoform 2	630	10	1,52E-42	93.7%	7
contig00136	cytochrome f	307	10	2,21E-30	86.1%	6
contig00290	ribulose bisphosphate carboxylase large chain	217	9	1,73E-14	88.22%	6
contig00016	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like	123	10	1,55E-08	85.9%	5
contig00017	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like isoform x1	196	10	6,70E-08	77.1%	5
contig00272	serine hydroxymethyltransferase 4	260	10	2,46E-27	96.2%	5
contig00271	serine hydroxymethyltransferase 4-like	115	10	1,91E-11	100.0%	5
contig00338	serine hydroxymethyltransferase 4-like	104	10	1,87E-09	100.0%	5
contig00053	23s ribosomal rna	291	10	2,23E-25	98.4%	4
contig00142	abc transporter g family member 15-like	289	10	4,65E-42	88.4%	4
contig00400	cytochrome p450 94a2-like	364	10	2,71E-29	93.8%	4
contig00040	probable protein s-acyltransferase 14	549	10	2,28E-13	92.6%	4
contig00130	soluble inorganic pyrophosphatase	124	10	3,81E-14	96.4%	4
contig00131	soluble inorganic pyrophosphatase	107	10	7,93E-11	100.0%	4
contig00430	ycf68 protein	543	10	1,96E-44	91.7%	4

contig00411	adp-ribosylation partial	121	10	1,03E-15	100.0%	3
contig00409	flavanone-3- partial	167	10	8,07E-27	100.0%	3
contig00113	glutamate--glyoxylate aminotransferase 2	136	10	8,94E-17	94.8%	3
contig00413	hypothetical protein, partial	351	10	1,14E-42	76.9%	3
contig00105	probable atp-dependent dna helicase chr12	620	9	4,53E-04	88.33%	3
contig00281	hypothetical protein VITISV_037761	277	10	5,13E-19	86.6%	2
contig00238	PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC105176443	399	10	2,74E-33	84.3%	1
contig00370	protein far1-related sequence 11	209	10	3,73E-22	89.0%	1
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
	İzomeraz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00194	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase	153	10	1,88E-06	90.9%	4
contig00193	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase i	136	10	2,16E-09	100.0%	4
contig00192	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase i	108	4	9,77E-08	86.5%	4
contig00150	dammarenediol ii synthase-like	236	10	1,19E-34	90.0%	2
contig00151	dammarenediol ii synthase-like	189	10	9,00E-16	92.0%	2
	Kinaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
	Yağ bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
	Lyaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00328	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	546	10	1,15E-114	93.8%	8
contig00233	fructose-bisphosphate aldolase-like protein	410	10	7,63E-63	91.3%	7
contig00290	ribulose bisphosphate carboxylase	217	9	1,73E-14	88.22%	6

	large chain					
contig00155	arginine decarboxylase	452	10	2,56E-49	82.4%	5
contig00154	arginine partial	419	10	8,74E-39	89.9%	5
contig00053	23s ribosomal rna	291	10	2,23E-25	98.4%	4
	Metal iyon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00128	e3 ubiquitin-protein ligase atl6-like	527	10	5,49E-11	63.3%	2
contig00454	histone acetyltransferase hac1-like isoform x2	318	10	3,41E-10	65.2%	7
	Metiltransferaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00016	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like	123	10	1,55E-08	85.9%	5
contig00017	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like isoform x1	196	10	6,70E-08	77.1%	5
	Moleküler fonksiyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
contig00253	cytochrome b-559 alpha partial	604	10	7,37E-38	92.7%	8
contig00285	cytochrome b6	837	10	4,32E-84	100.0%	8
contig00473	photosystem ii 44 kda partial	148	10	3,50E-19	94.6%	8
contig00418	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	441	10	9,09E-54	97.6%	8
contig00367	cytochrome b6 subunit	625	10	4,04E-33	90.2%	7
contig00243	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase chloroplastic	211	10	2,39E-19	79.0%	7
contig00004	succinate dehydrogenase subunit 3	429	3	7,06E-09	90.0%	7
contig00136	cytochrome f	307	10	2,21E-30	86.1%	6

contig00178	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump	243	10	1,80E-33	89.8%	6
contig00179	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	219	10	1,48E-15	82.8%	6
contig00290	ribulose bisphosphate carboxylase large chain	217	9	1,73E-14	88.22%	6
contig00027	cytochrome c biogenesis c	370	10	3,39E-50	88.3%	5
contig00475	glutaredoxin family protein	301	10	5,37E-44	90.8%	5
contig00289	metal transporter nramp5	293	10	8,03E-28	88.9%	5
contig00291	metal transporter nramp5	163	10	9,96E-15	84.5%	5
contig00419	partial	321	10	2,21E-62	99.8%	5
contig00461	probable histone h2a variant 3	341	10	2,12E-52	98.8%	5
contig00272	serine hydroxymethyltransferase 4	260	10	2,46E-27	96.2%	5
contig00271	serine hydroxymethyltransferase 4-like	115	10	1,91E-11	100.0%	5
contig00338	serine hydroxymethyltransferase 4-like	104	10	1,87E-09	100.0%	5
contig00426	23s ribosomal rna	483	10	1,45E-54	92.2%	4
contig00400	cytochrome p450 94a2-like	364	10	2,71E-29	93.8%	4
contig00244	glyceraldehyde-3-phosphate partial	349	10	1,39E-43	98.0%	4
contig00194	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase	153	10	1,88E-06	90.9%	4
contig00193	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase i	136	10	2,16E-09	100.0%	4
contig00192	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase i	108	4	9,77E-08	86.5%	4
contig00066	mlo-like protein 10	221	10	1,80E-11	80.5%	4
contig00356	partial	492	10	2,83E-69	79.8%	4
contig00313	photosystem ii d1 partial	292	10	2,95E-46	100.0%	4
contig00115	photosystem ii d2 protein	406	10	5,99E-54	100.0%	4
contig00130	soluble inorganic pyrophosphatase	124	10	3,81E-14	96.4%	4
contig00131	soluble inorganic pyrophosphatase	107	10	7,93E-11	100.0%	4
contig00430	ycf68 protein	543	10	1,96E-44	91.7%	4
contig00457	aquaporin tip2-1-like	389	10	1,07E-34	78.2%	3
contig00127	bark storage protein a	304	10	4,89E-39	90.4%	3
contig00055	cell wall-associated hydrolase	381	10	2,99E-43	86.0%	3
contig00060	cell wall-associated hydrolase	1192	10	5,81E-96	84.8%	3
contig00250	cell wall-associated hydrolase	682	10	5,74E-62	86.7%	3
contig00288	cell wall-associated hydrolase	487	10	1,81E-34	87.4%	3
contig00388	cell wall-associated hydrolase	713	10	2,07E-70	87.8%	3
contig00446	cell wall-associated hydrolase	474	10	2,25E-58	84.3%	3
contig00477	cell wall-associated hydrolase	296	10	4,33E-43	91.4%	3
contig00113	glutamate--glyoxylate aminotransferase 2	136	10	8,94E-17	94.8%	3
contig00413	hypothetical protein, partial	351	10	1,14E-42	76.9%	3
contig00294	metal transporter nramp5	947	10	1,93E-87	86.7%	3

contig00385	metal transporter nramp5	795	10	6,77E-92	90.5%	3
contig00110	protein nrt1 ptr family -like	379	10	1,05E-54	84.0%	3
contig00139	selt-like protein	179	10	1,60E-24	93.0%	3
contig00421	cell wall-associated hydrolase	616	10	3,59E-61	78.4%	2
contig00057	chaperone protein dnaj-related	309	10	6,39E-24	82.4%	2
contig00107	eukaryotic aspartyl protease family isoform 1	567	10	5,42E-28	61.1%	2
contig00281	hypothetical protein VITISV_037761	277	10	5,13E-19	86.6%	2
contig00249	probable beta- -xylosyltransferase irx10l	401	10	1,08E-76	97.3%	2
contig00251	senescence associated gene	323	10	4,64E-21	74.6%	2
contig00187	transcription factor myb108-like	130	10	1,72E-15	100.0%	2
contig00235	glycine-rich rna-binding protein 1-1	125	10	2,57E-13	99.7%	1
contig00099	transcription factor myb44	533	10	2,04E-55	75.9%	1
	Nükleaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00126	cytochrome p450 liketbp	436	10	5,96E-40	90.8%	2
contig00199	rrna intron-encoded homing endonuclease	505	10	1,09E-56	74.7%	2
contig00363	rrna intron-encoded homing endonuclease	514	10	3,36E-74	73.8%	2
contig00433	rrna intron-encoded homing endonuclease	526	10	3,73E-61	78.6%	2
contig00486	rrna intron-encoded homing endonuclease	210	10	4,30E-20	78.3%	2
contig00324	rrna intron-encoded homing partial	343	10	3,22E-26	85.2%	2
contig00474	rrna intron-encoded homing partial	282	10	1,90E-33	97.5%	2
contig00476	rrna intron-encoded homing partial	310	10	9,77E-31	94.4%	2
contig00490	rrna intron-encoded homing partial	206	10	1,41E-18	97.3%	2
	Oksidoredüktaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10

contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00285	cytochrome b6	837	10	4,32E-84	100.0%	8
contig00328	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	546	10	1,15E-114	93.8%	8
contig00367	cytochrome b6 subunit	625	10	4,04E-33	90.2%	7
contig00243	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase chloroplastic	211	10	2,39E-19	79.0%	7
contig00010	nadh dehydrogenase subunit 5	394	10	2,87E-53	98.0%	7
contig00004	succinate dehydrogenase subunit 3	429	3	7,06E-09	90.0%	7
contig00013	nadh dehydrogenase subunit 2	146	10	1,64E-17	99.7%	6
contig00014	nadh dehydrogenase subunit 2	292	10	5,51E-36	94.8%	6
contig00011	nadh dehydrogenase subunit 5	373	10	1,81E-23	96.3%	6
contig00012	nadh dehydrogenase subunit partial	132	10	3,92E-15	100.0%	6
contig00475	glutaredoxin family protein	301	10	5,37E-44	90.8%	5
contig00026	thioredoxin-like chloroplastic	167	10	2,80E-17	96.8%	5
contig00400	cytochrome p450 94a2-like	364	10	2,71E-29	93.8%	4
contig00244	glyceraldehyde-3-phosphate partial	349	10	1,39E-43	98.0%	4
contig00018	nadh dehydrogenase subunit 6	524	10	2,96E-60	99.0%	4
contig00409	flavanone-3- partial	167	10	8,07E-27	100.0%	3
contig00167	cytochrome p450 like_tbp	665	10	6,24E-55	74.5%	2
contig00207	cytochrome p450 like_tbp	516	10	1,48E-58	75.2%	2
contig00260	cytochrome p450 like_tbp	631	10	3,21E-68	77.4%	2
contig00293	cytochrome p450 like_tbp	1253	10	2,91E-109	84.0%	2
contig00301	cytochrome p450 like_tbp	720	10	4,24E-57	81.3%	2
contig00308	cytochrome p450 like_tbp	627	10	7,68E-67	73.1%	2
contig00343	cytochrome p450 like_tbp	133	10	2,26E-15	94.9%	2
contig00437	cytochrome p450 like_tbp	339	10	9,52E-33	93.2%	2
contig00444	cytochrome p450 like_tbp	331	10	2,46E-41	87.8%	2
contig00498	cytochrome p450 like_tbp	140	9	2,63E-18	90.67%	2
contig00005	nadh-quinone oxidoreductase protein	513	3	1,35E-34	85.0%	2
contig00340	senescence-associated protein	252	10	7,38E-36	94.8%	2
contig00493	senescence-associated protein	188	10	1,03E-28	90.4%	2
contig00175	cytochrome p450 like_tbp	436	10	1,11E-45	78.2%	1
contig00469	nadh dehydrogenase	149	10	2,86E-11	83.2%	6
	Peptidaz aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00037	cysteine proteinase 15a-like	237	10	3,54E-34	93.6%	2
contig00039	cysteine proteinase 15a-like	333	10	1,40E-51	86.4%	2

contig00339	cysteine proteinase rd19a-like	416	10	1,75E-61	84.6%	2
	Piridoksal fosfat bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00396	cysteine partial	198	10	2,57E-04	61.4%	5
	RNA bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00222	ribosomal protein partial	272	10	3,35E-36	94.9%	4
contig00008	ribosomal protein s7	133	10	9,86E-17	99.7%	6
contig00148	ribosomal protein s14	419	10	5,76E-44	96.9%	5
contig00063	60s ribosomal protein l5-like	117	10	3,30E-12	99.4%	4
contig00064	ribosomal protein l5 b isoform 2	128	10	1,30E-14	98.5%	4
	Ribozomun yapısal bileşeni					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00008	ribosomal protein s7	133	10	9,86E-17	99.7%	6
contig00148	ribosomal protein s14	419	10	5,76E-44	96.9%	5
contig00063	60s ribosomal protein l5-like	117	10	3,30E-12	99.4%	4
contig00064	ribosomal protein l5 b isoform 2	128	10	1,30E-14	98.5%	4
contig00222	ribosomal protein partial	272	10	3,35E-36	94.9%	4
contig00024	ribosomal protein s3	408	6	1,39E-15	78.33%	4
contig00434	60s ribosomal protein l12	527	10	3,69E-75	95.3%	3
contig00441	hypothetical protein MIMGU_mgv1a021698mg, partial	208	5	6,62E-10	86.8%	3
	Substrata özgü transmembran taşıma aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00081	polyol transporter 5-like isoform x2	591	10	1,44E-40	57.9%	8
	Transkripsiyon kofaktör aktivitesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00454	histone acetyltransferase hac1-like isoform x2	318	10	3,41E-10	65.2%	7

	Transferaz aktivitesi, asil gruplarının nakledilmesi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00431	bahd acyltransferase dcr	529	10	1,07E-95	89.1%	6
contig00040	probable protein s-acyltransferase 14	549	10	2,28E-13	92.6%	4
contig00065	glycylpeptide n-tetradecanoyltransferase 1-like	399	10	1,74E-28	91.0%	3
contig00439	glucuronosyltransferase pgsip8	173	10	6,72E-15	85.8%	2
contig00440	glucuronosyltransferase pgsip8	315	10	1,64E-31	80.5%	2
	Translasyon faktör aktivitesi, RNA bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00394	chloroplast rf68	361	10	6,01E-09	76.8%	3
contig00232	protein translation factor sui1 homolog	443	10	1,10E-42	93.3%	2
	Transmembran taşıyıcı activite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00358	boron transporter 4-like isoform x1	123	10	9,21E-07	85.0%	3
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00081	polyol transporter 5-like isoform x2	591	10	1,44E-40	57.9%	8
contig00032	atp binding cassette subfamily b4 isoform 2	630	10	1,52E-42	93.7%	7
contig00469	nadh dehydrogenase	149	10	2,86E-11	83.2%	6
contig00178	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump	243	10	1,80E-33	89.8%	6
contig00179	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	219	10	1,48E-15	82.8%	6
contig00144	v-type proton atpase 16 kda proteolipid subunit-like	263	10	1,30E-24	95.5%	5
contig00133	vacuolar cation proton exchanger 3	118	10	1,30E-03	88.6%	3
	Taşıyıcı aktivite					

Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00081	polyol transporter 5-like isoform x2	591	10	1,44E-40	57.9%	8
	Katlanmamış protein bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00057	chaperone protein dnaj-related	309	10	6,39E-24	82.4%	2
	Çinko iyon bağlayıcı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00454	histone acetyltransferase hac1-like isoform x2	318	10	3,41E-10	65.2%	7
contig00128	e3 ubiquitin-protein ligase atl6-like	527	10	5,49E-11	63.3%	2
contig00299	low quality protein: auxin transport protein big	182	8	3,05E-05	69.0%	1

Ek 6: Kasım pedisel dokusunda blast2go sonuçlarına göre biyolojik işlevde yer alan transkriptler

	Yaşlanma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
	Gelişimin anatomik yapısı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
contig00431	bahd acyltransferase dcr	529	10	1,07E-95	89.1%	6
contig00101	cell division cycle protein 123 homolog	421	10	1,23E-19	82.8%	6
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
	Biyolojik işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
contig00328	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	546	10	1,15E-114	93.8%	8
contig00032	atp binding cassette subfamily b4 isoform 2	630	10	1,52E-42	93.7%	7
contig00243	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase chloroplastic	211	10	2,39E-19	79.0%	7
contig00431	bahd acyltransferase dcr	529	10	1,07E-95	89.1%	6
contig00101	cell division cycle protein 123 homolog	421	10	1,23E-19	82.8%	6
contig00136	cytochrome f	307	10	2,21E-30	86.1%	6
contig00178	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump	243	10	1,80E-33	89.8%	6
contig00179	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	219	10	1,48E-15	82.8%	6
contig00290	ribulose bisphosphate carboxylase large chain	217	9	1,73E-14	88.22%	6
contig00463	dna ligase 1-like	132	10	2,68E-11	85.2%	5
contig00475	glutaredoxin family protein	301	10	5,37E-44	90.8%	5

contig00289	metal transporter nramp5	293	10	8,03E-28	88.9%	5
contig00291	metal transporter nramp5	163	10	9,96E-15	84.5%	5
contig00026	thioredoxin-like chloroplastic	167	10	2,80E-17	96.8%	5
contig00053	23s ribosomal rna	291	10	2,23E-25	98.4%	4
contig00426	23s ribosomal rna	483	10	1,45E-54	92.2%	4
contig00142	abc transporter g family member 15-like	289	10	4,65E-42	88.4%	4
contig00400	cytochrome p450 94a2-like	364	10	2,71E-29	93.8%	4
contig00244	glyceraldehyde-3-phosphate partial	349	10	1,39E-43	98.0%	4
contig00066	mlo-like protein 10	221	10	1,80E-11	80.5%	4
contig00018	nadh dehydrogenase subunit 6	524	10	2,96E-60	99.0%	4
contig00040	probable protein s-acyltransferase 14	549	10	2,28E-13	92.6%	4
contig00130	soluble inorganic pyrophosphatase	124	10	3,81E-14	96.4%	4
contig00131	soluble inorganic pyrophosphatase	107	10	7,93E-11	100.0%	4
contig00430	ycf68 protein	543	10	1,96E-44	91.7%	4
contig00055	cell wall-associated hydrolase	381	10	2,99E-43	86.0%	3
contig00060	cell wall-associated hydrolase	1192	10	5,81E-96	84.8%	3
contig00250	cell wall-associated hydrolase	682	10	5,74E-62	86.7%	3
contig00288	cell wall-associated hydrolase	487	10	1,81E-34	87.4%	3
contig00388	cell wall-associated hydrolase	713	10	2,07E-70	87.8%	3
contig00446	cell wall-associated hydrolase	474	10	2,25E-58	84.3%	3
contig00477	cell wall-associated hydrolase	296	10	4,33E-43	91.4%	3
contig00264	cell wall-associated partial	897	10	6,30E-32	89.8%	3
contig00416	cell wall-associated partial	322	9	1,05E-22	86.33%	3
contig00413	hypothetical protein, partial	351	10	1,14E-42	76.9%	3
contig00294	metal transporter nramp5	947	10	1,93E-87	86.7%	3
contig00385	metal transporter nramp5	795	10	6,77E-92	90.5%	3
contig00112	alpha-l-fucosidase 2	228	10	1,21E-23	91.4%	2
contig00322	bglc_oleeu ame: full=beta-glucosidase short=	319	10	6,24E-16	73.4%	2
contig00421	cell wall-associated hydrolase	616	10	3,59E-61	78.4%	2
contig00173	chitinase family protein	189	10	1,99E-13	73.4%	2
contig00037	cysteine proteinase 15a-like	237	10	3,54E-34	93.6%	2
contig00039	cysteine proteinase 15a-like	333	10	1,40E-51	86.4%	2
contig00339	cysteine proteinase rd19a-like	416	10	1,75E-61	84.6%	2
contig00167	cytochrome p450 like_tbp	665	10	6,24E-55	74.5%	2
contig00207	cytochrome p450 like_tbp	516	10	1,48E-58	75.2%	2
contig00260	cytochrome p450 like_tbp	631	10	3,21E-68	77.4%	2
contig00293	cytochrome p450 like_tbp	1253	10	2,91E-109	84.0%	2
contig00301	cytochrome p450 like_tbp	720	10	4,24E-57	81.3%	2
contig00308	cytochrome p450 like_tbp	627	10	7,68E-67	73.1%	2
contig00343	cytochrome p450 like_tbp	133	10	2,26E-15	94.9%	2

contig00437	cytochrome p450 like_tbp	339	10	9,52E-33	93.2%	2
contig00444	cytochrome p450 like_tbp	331	10	2,46E-41	87.8%	2
contig00498	cytochrome p450 like_tbp	140	9	2,63E-18	90.67%	2
contig00150	dammarenediol ii synthase-like	236	10	1,19E-34	90.0%	2
contig00151	dammarenediol ii synthase-like	189	10	9,00E-16	92.0%	2
contig00166	dehydrin	441	10	1,25E-07	82.0%	2
contig00107	eukaryotic aspartyl protease family isoform 1	567	10	5,42E-28	61.1%	2
contig00439	glucuronosyltransferase pgsip8	173	10	6,72E-15	85.8%	2
contig00440	glucuronosyltransferase pgsip8	315	10	1,64E-31	80.5%	2
contig00005	nadh-quinone oxidoreductase protein	513	3	1,35E-34	85.0%	2
contig00491	pathogenesis-related protein sth-2-like	152	10	1,12E-10	82.6%	2
contig00249	probable beta- -xylosyltransferase irx10l	401	10	1,08E-76	97.3%	2
contig00340	senescence-associated protein	252	10	7,38E-36	94.8%	2
contig00493	senescence-associated protein	188	10	1,03E-28	90.4%	2
contig00330	dentin sialophosphoprotein	395	10	9,73E-10	88.2%	1
contig00129	f-box lrr-repeat protein at3g48880	193	10	3,67E-09	72.8%	1
contig00393	iq-domain isoform 1	304	4	1,17E-05	68.0%	1
contig00061	lob domain-containing protein 19	359	3	5,86E-06	75.0%	1
contig00080	phosphoprotein ecpp44	448	10	3,15E-08	77.3%	1
contig00035	PREDICTED: uncharacterized protein LOC105168145	310	10	3,22E-10	68.5%	1
contig00409	flavanone-3- partial	167	10	8,07E-27	100.0%	3
	Biyosentetik işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00104	adp-ribosylation factor-like protein 8b	178	10	1,25E-09	82.2%	9
contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
contig00328	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	546	10	1,15E-114	93.8%	8
contig00431	bahd acyltransferase dcr	529	10	1,07E-95	89.1%	6
contig00469	nadh dehydrogenase	149	10	2,86E-11	83.2%	6
contig00155	arginine decarboxylase	452	10	2,56E-49	82.4%	5
contig00154	arginine partial	419	10	8,74E-39	89.9%	5

contig00193	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase i	136	10	2,16E-09	100.0%	4
contig00192	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase i	108	4	9,77E-08	86.5%	4
contig00257	nac transcription factor 29-like	156	4	2,44E-09	84.25%	4
contig00113	glutamate--glyoxylate aminotransferase 2	136	10	8,94E-17	94.8%	3
contig00065	glycylpeptide n-tetradecanoyltransferase 1-like	399	10	1,74E-28	91.0%	3
contig00243	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase chloroplastic	211	10	2,39E-19	79.0%	7
contig00194	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase	153	10	1,88E-06	90.9%	4
	Karbohidrat metabolik işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
contig00328	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	546	10	1,15E-114	93.8%	8
contig00233	fructose-bisphosphate aldolase-like protein	410	10	7,63E-63	91.3%	7
contig00243	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase chloroplastic	211	10	2,39E-19	79.0%	7
contig00244	glyceraldehyde-3-phosphate partial	349	10	1,39E-43	98.0%	4
contig00120	probable trehalase	478	10	6,02E-16	91.8%	2
	Karbonhidrat taşınımı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00081	polyol transporter 5-like isoform x2	591	10	1,44E-40	57.9%	8
	Katabolik işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
contig00233	fructose-bisphosphate aldolase-like protein	410	10	7,63E-63	91.3%	7
contig00155	arginine decarboxylase	452	10	2,56E-49	82.4%	5
contig00154	arginine partial	419	10	8,74E-39	89.9%	5
contig00087	f-box protein skip16	221	10	1,68E-34	89.7%	4

	Hücre döngüsü					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00104	adp-ribosylation factor-like protein 8b	178	10	1,25E-09	82.2%	9
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
contig00101	cell division cycle protein 123 homolog	421	10	1,23E-19	82.8%	6
	Hücre farklılaşması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00431	bahd acyltransferase dcr	529	10	1,07E-95	89.1%	6
contig00101	cell division cycle protein 123 homolog	421	10	1,23E-19	82.8%	6
	Hücre morfogenezisi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00431	bahd acyltransferase dcr	529	10	1,07E-95	89.1%	6
	Hücre motilite					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
	Hücre duvarı biyogenezi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
	Hücresel amino asit metabolizması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00155	arginine decarboxylase	452	10	2,56E-49	82.4%	5
contig00154	arginine partial	419	10	8,74E-39	89.9%	5
contig00272	serine hydroxymethyltransferase 4	260	10	2,46E-27	96.2%	5
contig00271	serine hydroxymethyltransferase 4-like	115	10	1,91E-11	100.0%	5
contig00338	serine hydroxymethyltransferase 4-like	104	10	1,87E-09	100.0%	5

	Hücresel azot bileşiği metabolik süreci					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
contig00233	fructose-bisphosphate aldolase-like protein	410	10	7,63E-63	91.3%	7
contig00010	nadh dehydrogenase subunit 5	394	10	2,87E-53	98.0%	7
contig00013	nadh dehydrogenase subunit 2	146	10	1,64E-17	99.7%	6
contig00014	nadh dehydrogenase subunit 2	292	10	5,51E-36	94.8%	6
contig00011	nadh dehydrogenase subunit 5	373	10	1,81E-23	96.3%	6
contig00012	nadh dehydrogenase subunit partial	132	10	3,92E-15	100.0%	6
contig00155	arginine decarboxylase	452	10	2,56E-49	82.4%	5
contig00154	arginine partial	419	10	8,74E-39	89.9%	5
contig00272	serine hydroxymethyltransferase 4	260	10	2,46E-27	96.2%	5
contig00271	serine hydroxymethyltransferase 4-like	115	10	1,91E-11	100.0%	5
contig00338	serine hydroxymethyltransferase 4-like	104	10	1,87E-09	100.0%	5
contig00127	bark storage protein a	304	10	4,89E-39	90.4%	3
contig00126	cytochrome p450 liketbp	436	10	5,96E-40	90.8%	2
contig00199	rrna intron-encoded homing endonuclease	505	10	1,09E-56	74.7%	2
contig00363	rrna intron-encoded homing endonuclease	514	10	3,36E-74	73.8%	2
contig00433	rrna intron-encoded homing endonuclease	526	10	3,73E-61	78.6%	2
contig00486	rrna intron-encoded homing endonuclease	210	10	4,30E-20	78.3%	2
contig00324	rrna intron-encoded homing partial	343	10	3,22E-26	85.2%	2
contig00474	rrna intron-encoded homing partial	282	10	1,90E-33	97.5%	2
contig00476	rrna intron-encoded homing partial	310	10	9,77E-31	94.4%	2
contig00490	rrna intron-encoded homing	206	10	1,41E-18	97.3%	2

	partial					
contig00257	nac transcription factor 29-like	156	4	2,44E-09	84.25%	4
	Hücresel protein modifikasyonu işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00360	water chloroplastic	585	10	2,10E-33	89.8%	9
contig00473	photosystem ii 44 kda partial	148	10	3,50E-19	94.6%	8
contig00016	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like	123	10	1,55E-08	85.9%	5
contig00017	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like isoform x1	196	10	6,70E-08	77.1%	5
contig00065	glycylpeptide n-tetradecanoyltransferase 1-like	399	10	1,74E-28	91.0%	3
	Kromozom organizasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
contig00016	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like	123	10	1,55E-08	85.9%	5
contig00017	histone-lysine n-methyltransferase atx2-like isoform x1	196	10	6,70E-08	77.1%	5
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
	Kofaktör metabolik işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00233	fructose-bisphosphate aldolase-like protein	410	10	7,63E-63	91.3%	7
contig00272	serine hydroxymethyltransferase 4	260	10	2,46E-27	96.2%	5
contig00271	serine hydroxymethyltransferase 4-like	115	10	1,91E-11	100.0%	5
contig00338	serine hydroxymethyltransferase 4-like	104	10	1,87E-09	100.0%	5

contig00396	cysteine partial	198	10	2,57E-04	61.4%	5
	Hücre iskeleti organizasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
	DNA metabolik işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00104	adp-ribosylation factor-like protein 8b	178	10	1,25E-09	82.2%	9
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
	Elektron taşıma zinciri					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	hypothetical protein B456_001G161700	567	2	4,02E-20	75.5%	6
	Ön-madde metabolitleri ve enerji üretimi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00253	cytochrome b-559 alpha partial	604	10	7,37E-38	92.7%	8
contig00285	cytochrome b6	837	10	4,32E-84	100.0%	8
contig00473	photosystem ii 44 kda partial	148	10	3,50E-19	94.6%	8
contig00418	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	441	10	9,09E-54	97.6%	8
contig00367	cytochrome b6 subunit	625	10	4,04E-33	90.2%	7
contig00233	fructose-bisphosphate aldolase-like protein	410	10	7,63E-63	91.3%	7
contig00010	nadh dehydrogenase subunit 5	394	10	2,87E-53	98.0%	7
contig00004	succinate dehydrogenase subunit 3	429	3	7,06E-09	90.0%	7

contig00013	nadh dehydrogenase subunit 2	146	10	1,64E-17	99.7%	6
contig00014	nadh dehydrogenase subunit 2	292	10	5,51E-36	94.8%	6
contig00011	nadh dehydrogenase subunit 5	373	10	1,81E-23	96.3%	6
contig00012	nadh dehydrogenase subunit partial	132	10	3,92E-15	100.0%	6
contig00419	partial	321	10	2,21E-62	99.8%	5
contig00356	partial	492	10	2,83E-69	79.8%	4
contig00313	photosystem ii d1 partial	292	10	2,95E-46	100.0%	4
contig00115	photosystem ii d2 protein	406	10	5,99E-54	100.0%	4
	Gelişim					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
	Histon asetilasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00454	histone acetyltransferase hac1-like isoform x2	318	10	3,41E-10	65.2%	7
	Homeostatik işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00475	glutaredoxin family protein	301	10	5,37E-44	90.8%	5
contig00026	thioredoxin-like chloroplastic	167	10	2,80E-17	96.8%	5
contig00139	selt-like protein	179	10	1,60E-24	93.0%	3
	Hidrojen iyonunun transmembran taşımacılığı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00007	hypothetical protein B456_001G161700	567	2	4,02E-20	75.5%	6
	Bağışıklık sistemi işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00104	adp-ribosylation factor-like protein 8b	178	10	1,25E-09	82.2%	9
contig00463	dna ligase 1-like	132	10	2,68E-11	85.2%	5
	Lipid metabolizması					
Referans	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**

Genomun Kontig Bilgisi						
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00194	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase	153	10	1,88E-06	90.9%	4
contig00193	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase i	136	10	2,16E-09	100.0%	4
contig00192	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase i	108	4	9,77E-08	86.5%	4
contig00469	nadh dehydrogenase	149	10	2,86E-11	83.2%	6
	Metabolik işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00396	cysteine partial	198	10	2,57E-04	61.4%	5
contig00157	uncharacterised protein	641	10	4,12E-40	67.1%	3
contig00123	cell wall-associated hydrolase	562	10	5,14E-38	70.7%	2
contig00219	gdsl esterase lipase at1g29670-like	291	10	2,66E-20	73.6%	2
contig00088	unnamed protein product	149	1	3,27E-01	76.0%	2
	Nükleik asit fosfodiester bağı hidrolizi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00428	rrna intron-encoded homing endonuclease	426	10	1,42E-44	71.5%	2
	Fotosentez					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00231	photosystem i p700 apoprotein a2	436	10	2,05E-59	97.0%	10
contig00318	chlorophyll a-b binding protein chloroplastic-like	249	10	1,44E-44	100.0%	9
contig00253	cytochrome b-559 alpha partial	604	10	7,37E-38	92.7%	8
contig00285	cytochrome b6	837	10	4,32E-84	100.0%	8
contig00473	photosystem ii 44 kda partial	148	10	3,50E-19	94.6%	8
contig00418	photosystem ii cytochrome b559 alpha subunit	441	10	9,09E-54	97.6%	8
contig00328	ribulose- -bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit	546	10	1,15E-114	93.8%	8
contig00367	cytochrome b6 subunit	625	10	4,04E-33	90.2%	7
contig00243	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase chloroplastic	211	10	2,39E-19	79.0%	7

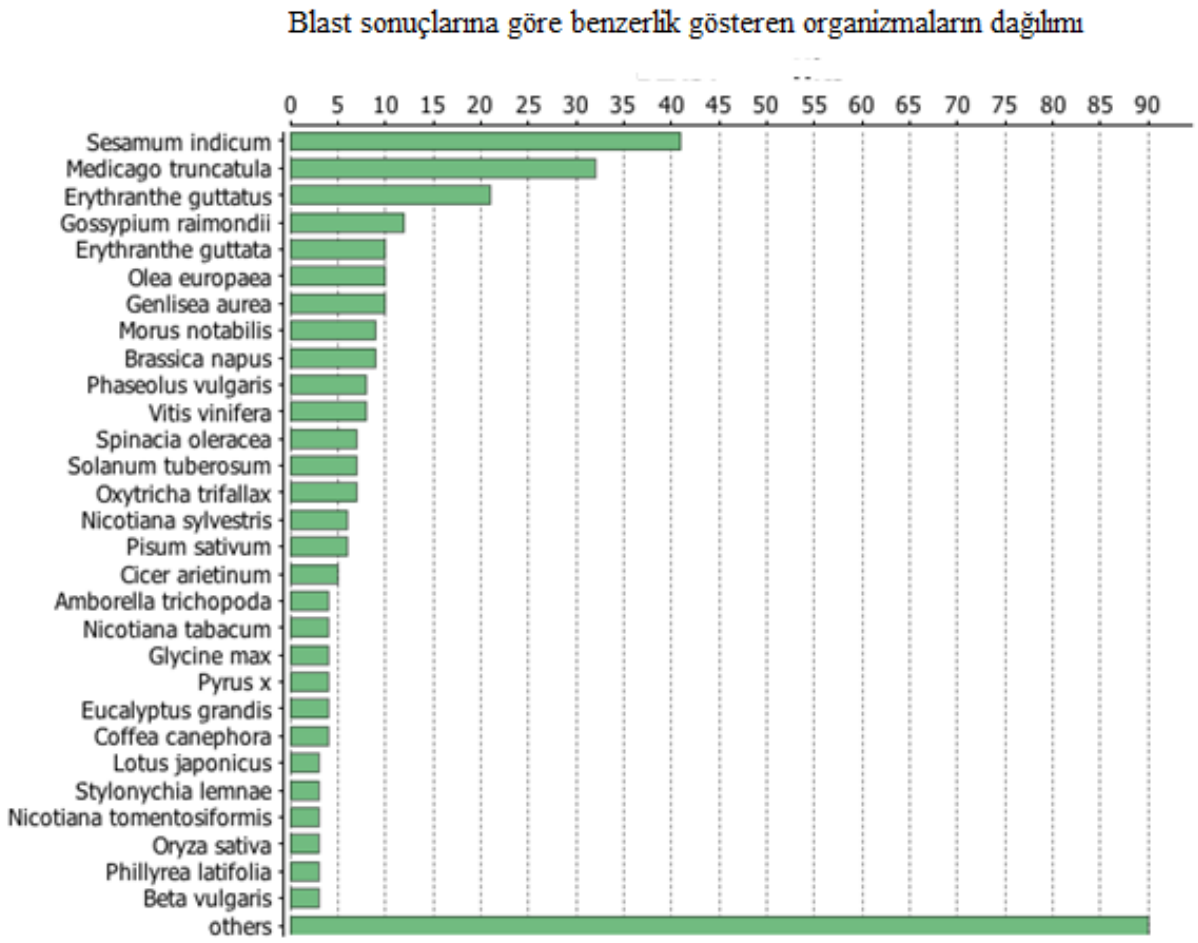
contig00136	cytochrome f	307	10	2,21E-30	86.1%	6
contig00149	partial	146	10	3,29E-07	94.0%	5
contig00419	partial	321	10	2,21E-62	99.8%	5
contig00356	partial	492	10	2,83E-69	79.8%	4
contig00313	photosystem ii d1 partial	292	10	2,95E-46	100.0%	4
contig00115	photosystem ii d2 protein	406	10	5,99E-54	100.0%	4
contig00422	ycf3 protein	296	10	6,99E-20	97.9%	3
	Protein kompleksi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00097	gamma-tubulin complex component 4 isoform x1	182	10	4,02E-22	91.7%	11
contig00027	cytochrome c biogenesis c	370	10	3,39E-50	88.3%	5
	Protein katlanması					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00101	cell division cycle protein 123 homolog	421	10	1,23E-19	82.8%	6
	Transkripsiyon regülasyonu					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00454	histone acetyltransferase hac1-like isoform x2	318	10	3,41E-10	65.2%	7
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00104	adp-ribosylation factor-like protein 8b	178	10	1,25E-09	82.2%	9
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
	Yeniden üretim					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00354	photosystem ii d1 partial	683	10	7,80E-104	84.3%	11
contig00380	photosystem ii d1 partial	652	10	1,83E-127	99.9%	11
contig00119	photosystem ii protein d1	669	10	3,66E-124	99.1%	11
contig00104	adp-ribosylation factor-like	178	10	1,25E-09	82.2%	9

	protein 8b					
contig00384	mediator of rna polymerase ii transcription subunit 8 isoform x3	169	10	1,39E-07	76.4%	9
contig00101	cell division cycle protein 123 homolog	421	10	1,23E-19	82.8%	6
contig00463	dna ligase 1-like	132	10	2,68E-11	85.2%	5
contig00066	mlo-like protein 10	221	10	1,80E-11	80.5%	4
contig00166	dehydrin	441	10	1,25E-07	82.0%	2
contig00491	pathogenesis-related protein sth-2-like	152	10	1,12E-10	82.6%	2
contig00096	universal stress protein	204	10	1,27E-21	86.1%	1
	İkincil metabolik işlev					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
	Sinyal iletimi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00104	adp-ribosylation factor-like protein 8b	178	10	1,25E-09	82.2%	9
contig00463	dna ligase 1-like	132	10	2,68E-11	85.2%	5
contig00411	adp-ribosylation partial	121	10	1,03E-15	100.0%	3
	Küçük molekülmetabolik işlevi					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00056	succinate dehydrogenase subunit 4	146	10	1,86E-15	95.6%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00233	fructose-bisphosphate aldolase-like protein	410	10	7,63E-63	91.3%	7
contig00010	nadh dehydrogenase subunit 5	394	10	2,87E-53	98.0%	7

contig00004	succinate dehydrogenase subunit 3	429	3	7,06E-09	90.0%	7
contig00013	nadh dehydrogenase subunit 2	146	10	1,64E-17	99.7%	6
contig00014	nadh dehydrogenase subunit 2	292	10	5,51E-36	94.8%	6
contig00011	nadh dehydrogenase subunit 5	373	10	1,81E-23	96.3%	6
contig00012	nadh dehydrogenase subunit partial	132	10	3,92E-15	100.0%	6
contig00026	thioredoxin-like chloroplastic	167	10	2,80E-17	96.8%	5
contig00087	f-box protein skip16	221	10	1,68E-34	89.7%	4
contig00127	bark storage protein a	304	10	4,89E-39	90.4%	3
	Translasyon					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00008	ribosomal protein s7	133	10	9,86E-17	99.7%	6
contig00148	ribosomal protein s14	419	10	5,76E-44	96.9%	5
contig00063	60s ribosomal protein l5-like	117	10	3,30E-12	99.4%	4
contig00064	ribosomal protein l5 b isoform 2	128	10	1,30E-14	98.5%	4
contig00222	ribosomal protein partial	272	10	3,35E-36	94.9%	4
contig00024	ribosomal protein s3	408	6	1,39E-15	78.33%	4
contig00434	60s ribosomal protein l12	527	10	3,69E-75	95.3%	3
contig00394	chloroplast rf68	361	10	6,01E-09	76.8%	3
contig00441	hypothetical protein MIMGU_mgv1a021698mg, partial	208	5	6,62E-10	86.8%	3
contig00232	protein translation factor sui1 homolog	443	10	1,10E-42	93.3%	2
	Transmembran taşımacılığı					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00159	atp synthase cf0 subunit partial	171	10	1,29E-04	98.7%	11
contig00069	at2g07698-like partial	355	10	2,26E-60	99.2%	10
contig00059	atp synthase f1 subunit 1	699	10	7,14E-111	98.3%	10
contig00006	atp synthase subunit alpha	1946	10	0.0	85.8%	10
contig00002	cytochrome oxidase subunit partial	157	10	1,03E-14	97.0%	10
contig00003	cytochrome oxidase subunit partial	467	10	7,27E-65	87.0%	10
contig00171	vacuolar h+-atpase	161	10	7,05E-05	97.1%	10
contig00436	atp synthase f0 subunit 9	453	6	3,78E-08	73.83%	9
contig00081	polyol transporter 5-like isoform x2	591	10	1,44E-40	57.9%	8
contig00032	atp binding cassette subfamily b4 isoform 2	630	10	1,52E-42	93.7%	7

contig00469	nadh dehydrogenase	149	10	2,86E-11	83.2%	6
contig00178	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump	243	10	1,80E-33	89.8%	6
contig00144	v-type proton atpase 16 kda proteolipid subunit-like	263	10	1,30E-24	95.5%	5
contig00358	boron transporter 4-like isoform x1	123	10	9,21E-07	85.0%	3
contig00133	vacuolar cation proton exchanger 3	118	10	1,30E-03	88.6%	3
contig00364	cation calcium exchanger 1	462	10	1,24E-74	64.3%	2
contig00179	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	219	10	1,48E-15	82.8%	6
	Taşıma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00081	polyol transporter 5-like isoform x2	591	10	1,44E-40	57.9%	8
contig00032	atp binding cassette subfamily b4 isoform 2	630	10	1,52E-42	93.7%	7
contig00178	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump	243	10	1,80E-33	89.8%	6
contig00179	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like	219	10	1,48E-15	82.8%	6
contig00290	ribulose bisphosphate carboxylase large chain	217	9	1,73E-14	88.22%	6
contig00027	cytochrome c biogenesis c	370	10	3,39E-50	88.3%	5
contig00289	metal transporter nramp5	293	10	8,03E-28	88.9%	5
contig00291	metal transporter nramp5	163	10	9,96E-15	84.5%	5
contig00457	aquaporin tip2-1-like	389	10	1,07E-34	78.2%	3
contig00239	mitochondrial carnitine acylcarnitine carrier-like protein	333	10	1,25E-30	97.1%	3
contig00110	protein nrt1 ptr family -like	379	10	1,05E-54	84.0%	3
	Vezikül aracılı taşıma					
Referans Genomun Kontig Bilgisi	**Gen Adı**	**Uzunluk**	**#Hits**	**e-Value**	**Benzerlik**	**#GO**
contig00145	phospholipase d p2	148	10	2,05E-10	82.8%	18

Ek 7: Temmuz ve Kasım pedisel dokusunda ifade edilen transkriptlerin blast sonuçlarına göre organizmalar arasındaki benzerlik dağılımları



ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı: Ümmügülsüm TANMAN ZIPLAR
Doğum Yeri: Acıpayam
Doğum Tarihi: 15.03.1985
Medeni Hali: Evli
Yabancı Dili: İngilizce

Adres: Çankırı Karatekin Üniversitesi, Uluyazı Kampüsü, Fen Fakültesi

E-posta: gulsumziplar@gmail.com

Eğitim Durumu:

Lise: Acıpayam Yabancı Dil Ağırlıklı Lisesi, 2003
Lisans: Dokuz Eylül Üniversitesi, Buca Eğitim Fakültesi, Fen Bilgisi Öğretmenliği, 2007
Yüksek Lisans: Çankırı Karatekin Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, 2015

Yayınları:

1- Kavas, M., Baloğlu M.C., Atabay E.S., Tanman Ziplar, U.., Daşgan, H.Y., Ünver, T. 2015. Genome-wide characterization and expression analysis of common bean bHLH transcription factors in response to excess salt concentration, Molecular Genetics and Genomics, 7 / 2015, 10.1007/s00438-015-1095-6
2- Akca, H., Akmaz H.K., Cafri, R. and Tanman U., 2014, Emprical Analyses of Awareness and Behaviour of the Society Toward Environmental Isuues: Case of Turkey. Journal of Apllied Sciences. 14(24), 3514-3519.

3- Baloğlu, M.C., Yer, E.N., Tanman Zıplar, U. 2015. Drought responsive Hsp70 gene analysis in Populus at genome wide level. Plant Molecular Biology Reporter., DOI: 10.1007/s11105-015-0933-3

Ulusal Bildiriler:

Tanman Ziplar, U., Türktaş, M., Ünver, T. 2015. Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi ile Zeytinin (Olea Europea L. cv Ayvalık) Pedisel Dokusunun Transkriptom Dizilemesi. 4.Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi.

Türktaş, M. Ünver, T., Ziplar G., Gürkök, T. 2015. Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi İle Zeytin Genomunun Analizi. 4.Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi.

Ünver,T.,Türktaş, M., İnal, B., Gürkök ,T., Özhüner, E., Derelli, E., Alagöz, Y., Pekmezci, Y., Zıplar Tanman U., Babaoğlu, G., Açar, E., Özden Y. 2015. Bitki Biyoteknolojisi İçin Genomik ve Transkriptomik Yaklaşımlar. . 4.Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi