

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**YERFİSTİĞİNDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANARAK SSR
VE INDEL MARKERLERİN GELİŞTİRİLMESİ**

Moin QURESHİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS

HAZİRAN 2022

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**YERFİSTİĞİNDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANARAK SSR
VE INDEL MARKERLERİN GELİŞTİRİLMESİ**

Moin QURESHİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARLA BİTKİLERİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS

HAZİRAN 2022

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**YERFISTIĞINDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANARAK SSR
VE INDEL MARKERLERİN GELİŞTİRİLMESİ**

**Moin QURESHİ
TARLA BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS**

**Bu tez FYL-2022-5981 no'lu proje numarası ile Akdeniz Üniversitesi Bilimsel
Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir.**

HAZİRAN 2022

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**YERFİSTİĞİNDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANARAK SSR
VE INDEL MARKERLERİN GELİŞTİRİLMESİ**

Moin QURESHİ
TARLA BİTKİLERİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS

Bu tez 24/06/2022 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Engin YOL (Danışman)

Prof. Dr. Bülent UZUN

Doç. Dr. Sabri ERBAŞ

ÖZET

YERFISTIĞINDA YENİ NESİL DİZİLEME VERİLERİ KULLANARAK SSR VE INDEL MARKERLERİN GELİŞTİRİLMESİ

Moin QURESHİ

Yüksek Lisans, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Engin YOL

Haziran 2022; 67 sayfa

Baklagiller familyasında bulunan yerfıstığı (*Arachis hypogaea* L) gıda ve yem sanayinde yoğun olarak kullanılan önemli bir yağ protein, mineral ve vitamin kaynağıdır. Dünyada 100'den fazla ülkede üretimi yapılan yerfıstığında yoğun bir şekilde ıslah çalışmaları yürütülmekte olup yüksek verim, kalite ve son zamanlarda biyotik/abiyotik stres faktörlerine dayanıklılık çalışmaların temel hedefleri olmuşlardır. Son yıllarda yerfıstığı ıslahında başarıyla uygulanan marker destekli seleksiyon ıslah programlarının hızını büyük ölçüde artırmış ve seleksiyon etkinliğini iyileştirmiştir. Ancak yerfıstığı ıslah programlarında farklı amaçlarla kullanılması bakımından geliştirilen marker sayısı soya, ayçiçeği gibi endüstriyel bitkilere kıyasla ne yazık ki istenen seviyede değildir. Bu kapsamda ele alınan bu tez projesi ile yerfıstığı ıslah çalışmalarında kullanılabilecek InDel (insersiyon-delesyon) ve SSR (simple sequence repeat – basit dizi tekrarı) markerlerin geliştirilmesi hedeflenmiştir. ddRAD-Seq dizileme teknolojisinin kullanıldığı çalışmada farklı kıtalardan köken alan 25 adet yerfıstığı genotipi genetik materyal olarak kullanılmıştır. Yürütülen biyoinformatik analizler sonrasında referans genomdan farklılık gösteren 62728 lokus belirlenmiştir. Belirlenen bu bölgelerin 35140 tanesi delesyon, 27588 tanesi ise insersiyon olarak tanımlanmıştır. Agaroz jelde ayırt edilebilirlik bakımından 10 bp ve üzeri 1013 insersiyon-delesyon bölgesi potansiyel marker olarak tespit edilirken seçilen 24 bölge primer dizaynı için kullanılmıştır. Geliştirilen 3 SSR ve 21 InDel marker genotipler üzerinde testlenmiş ve beklenen bölgelerde bantlar elde edilmiştir. Geliştirilen SSR ve InDel markerlerin moleküler temelli yerfıstığı ıslah çalışmalarına katkıda bulunması beklenmektedir.

ANAHTAR KELİMELE: InDel, Islah, Marker, yerfıstığı

JÜRİ: Doç. Dr. Engin YOL

Prof. Dr. Bülent UZUN

Doç. Dr. Sabri ERBAŞ

ABSTRACT

DEVELOPMENT OF SSR AND INDEL MARKERS WITH THE USE OF NEXT GENERATION SEQUENCING DATA IN GROUNDNUT

Moin QURESHİ

MSc Thesis in Department of Field Crops

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Engin YOL

May 2022; 67 pages

Groundnut (*Arachis hypogaea* L.), a member of the Leguminosae family, has economic importance as a source of protein, minerals, and which is used extensively in the food and feed industry. The crop is produced in more than 100 countries in the world and intensive breeding studies are carried out to obtain high yield and quality and also resistance to biotic/abiotic stress factors which are main targets of these studies. Marker assisted selection, which has been successfully applied in groundnut breeding programs in recent years, has greatly increased the speed of breeding and improved the selection efficiency. However, the number of markers developed for use in groundnut breeding programs for different purposes is not at the desired level compared to industrial plants such as soybean and sunflower. In this thesis project, it is aimed to develop InDel (insertion-deletion) and SSR (simple sequence repeat) markers that can be used in groundnut breeding studies. The 25 groundnut genotypes originating from different continents were sequenced with ddRAD-Seq approach and later 62728 loci differing from the reference genome were identified with bioinformatic analysis. Among them, 35140 and 27588 regions were defined as deletion and insertion, respectively. In terms of availability in agarose gel, 1013 insertion-deletion sites of 10 bp and above were identified as potential markers, while 24 sites were used for primer design. The developed 3 SSR and 21 InDel markers were tested on genotypes and bands were obtained in the expected regions. It is expected that the developed SSR and InDel markers will contribute to molecular-based groundnut breeding studies.

KEYWORDS: Breeding, InDel, Marker, Groundnut.

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Engin YOL

Prof. Dr. Bülent UZUN

Assoc. Prof. Dr. Sabri ERBAŞ

ÖNSÖZ

Yerfıstığı, gıda güvenliği açısından değerlendirildiğinde içerdiği yağ, protein, karbonhidrat, vitaminler ve madensel maddeler bakımından insan beslenmesinde oldukça değerli bir baklagil bitkisi. Ülkemizde çoğunlukla çerez ve şekerleme sektöründe değerlendirilen yerfıstığı tohumları sahip olduğu yüksek yağ oranı ile dünyada farklı bölgelerde bitkisel yağ kaynağı olarak yoğun talep görmektedir. Birçok alanda faydanılan yerfıstığında istenen özelliklere sahip çeşitlerin geliştirilmesi için ıslah çalışmalarına her zaman ihtiyaç bulunmaktadır. Islah sürecinin hızlı, doğru ve ekonomik olması ise oldukça önemlidir. Moleküler markerler çevreden etkilenmemeleri ve yüksek doğruluk oranı ile günümüz ıslah çalışmalarının önemli bir parçası haline gelmiştir. Dolayısıyla yerfıstığına ıslah sürecine moleküler markerlerin entegrasyonu oldukça önemlidir. Bu bağlamda ele alınan bu tez projesi ile moleküler marker destekli ıslah çalışmalarına katkıda bulunmak amacıyla potansiyel InDel ve SSR marker bölgelerinin belirlenmesi hedeflenmiştir. 8 farklı ülkeden köken alan 25 yerfıstığı genotipinin yer aldığı çalışmada yeni nesil dizileme tekniği ddRAD-Seq ile genotiplere ait DNA'lar dizilemeye tabi tutulmuş ve analizler sonrası marker bölgeleri belirlenmiştir.

Bu tez çalışması sırasında her konuda bilgi ve tecrübelerini paylaşan, hedeflerimde ilerlememde bana yol gösteren, çalışmamın her aşamasında yardım ve desteğini esirgemeyen danışman hocam Sayın Doç. Dr. Engin YOL'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmam boyunca bilgi ve desteğini eksik etmeyen fakültemiz Tarla Bölümü'nden Sayın Prof. Dr. Bülent UZUN'a teşekkürlerimi sunarım.

Bu tezin planlanmasından sonuçlandırılmasına kadar geçen her aşamada bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım ve her türlü laboratuvar imkanını kullanma fırsatı veren Sayın Arş. Gör. Dr. Hilal Şule TOSUN ve Arş. Gör. Dr. Birgül GÜDEN'e teşekkür ederim.

Son olarak da yüksek lisans çalışmam boyunca ihtiyaç duyduğum her an yanımda olan, bu çalışmanın yapılmasında bana her zaman inanan, destek olan arkadaşım İrem KOÇ'a ve destek ve sevgisini her zaman hissettiğim, her zaman olduğu gibi bu süreçte de beni yalnız bırakmayan sevgili aileme en içten teşekkürleri sunarım.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ	iii
AKADEMİK BEYAN	v
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	4
2.1. Moleküler Markerler	4
2.2. Indel Markerlerin Geliştirilmesi ve Uygulanması Konusunda Yapılan Çalışmalar	4
2.3. SSR Markerlerin Geliştirilmesi ve Uygulanması Konusunda Yapılan Çalışmalar	6
3. MATERYAL VE METOT	9
3.1. Materyal.....	9
3.1.1. Genetik materyal.....	9
3.2. Metot	9
3.2.1. Yeni nesil dizileme	9
3.2.2. Biyoinformatik analizler	10
3.2.3. Primer dizaynı.....	10
3.2.4. Polimeraz zincir reaksiyonu analizleri.....	10
3.2.5. Elektrolit çözeltisi	11
3.2.6. Jelin hazırlanması	12
3.2.7. PCR ürünlerinin jele yüklenmesi ve elektroforez işlemi.....	12
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	13
4.1. Indel Markerlerin Geliştirilmesi ve Testlenmesi.....	13
6. SONUÇLAR	49
7. KAYNAKLAR	50
8. EKLER.....	56
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Yerfıstığında yeni nesil dizileme verileri kullanılarak SSR ve InDel markerlerin geliştirilmesi” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

24/06/2022

Moin QURESHİ

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

°C : Santigrat derece

g : Gram

ha : Hektar

M : Molar

ml : Mililitre

μl : Mikrolitre



Kısaltmalar

AFLP	: oęaltılmıř Para Uzunluk Polimorfizmi
AMOVA	: Moleküler Varyans Analizi
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetik asit
FAO	: Birleřmiř Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
INDEL	: İnsersiyon-Delesyon
ISSR	: Inter-Simple Sequence Repeat- Kısa Dizi Tekrarı Arası
PCR	: Polimeraz zincir reaksiyonun
PIC	: Polimorfik Bilgi İerięi
RAPD	:Random Amplified Polymorphic DNA-Rastgele oęaltılmıř DNA farklılıęı
QTL	: Kantitatif Özellik Lokusu
SNP	: Single Nucleotide Polymorphism–Tek Nükleotit Polimorfizmi
SSR	: Simple Sequence Repeat- Basit Dizi Tekrarı

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan genotiplerde DNA izolasyonu sonrası elde edilen jel görüntüsü.....	10
Şekil 4.1. Bulk marker analizine ait jel görüntüsü.....	45
Şekil 4.2. Seçilmiş markerlerin bulk DNA'lar kullanılarak testlenmesine ait jel görüntüleri.....	46



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Çalışması kapsamında dizilemede kullanılan genotipler ve orijinleri.....	9
Çizelge 3.2. Tez kapsamında markerlerin testlenmesinde kullanılan PCR programı....	11
Çizelge 3.3. Tez kapsamında markerlerin testlenmesinde kullanılan PCR bileşenleri...	11
Çizelge 4.1. Fitre öncesi ve filtre sonrası okumalar.....	13
Çizelge 4.2. Genomda 1 bp ve üzeri InDellerin dağılımı.....	14
Çizelge 4.3. Genomda 1 bp ve üzeri insersiyon-delesyon sayıları ve kromozomlara dağılımı	15
Çizelge 4.4. 10 bp ve üzeri büyüklüğüne sahip insersiyon ve delesyon sayıları ve genomdaki dağılımları.....	16
Çizelge 4.5. Genom boyunca belirlenmiş 10 bp ve üzeri büyüklüğüne ait insersiyon (ekleme) bölgeleri.....	17
Çizelge 4.6. Genom boyunca belirlenmiş 8 bp ve üzeri büyüklüğüne sahip delesyon (silinme) bölgeleri	38
Çizelge 4.7. Geliştirilen InDel ve SSR markerleri.....	44

1. GİRİŞ

Yerfıstığı (*Arachis hypogaea* L.), MÖ 1000 gibi erken bir tarihte Güney Amerika'da (güney Bolivya/Kuzey Batı Arjantin bölgesi) ortaya çıkan eski bir yeni nesil bitkidir (Weiss vd. 2000). Latin Amerika bölgesinden köken alan bitki daha sonra gemilerle diğer kıtalara yayılmıştır. (Adinya vd. 2010). *Arachis*, 81 tür ve dokuz bölümden oluşan taksonomik bir cinstir (Stalker 2017). Bu 81 türden *A. hypogaea*, günümüzde ticari olarak tarlada yetiştirilen tek kültür bitkisi olması nedeniyle daha fazla öneme sahiptir (Pandey vd. 2012). *A. duranensis* (A-genom) ve *A. ipaensis* (B-genom), allotetraploid (AABB, $2n = 4x = 40$) olan kültür yerfıstığı *A. hypogaea*'nın A ve B genom donörleri olarak kabul edilir (Moretzsohn vd. 2013). Tetraploid yerfıstığı, bu iki yabancı türün melezi ve daha sonra meydana gelen kromozom duplikasyonu ile oluşmuştur (Kochert vd. 1996). *A. hypogaea* L., taksonomik olarak dallanma biçimi ve nodüllerin ana dal ve yan dallarda dağılması durumuna göre iki alt türe ayrılmaktadır (Krapovickas ve Gregory 1994). Alt türlerden biri olan *hypogaea*; *hypogaea* ve *hirsuta* Köhler olarak iki botanik varyete içerir ve ana sap üzerinde generatif boğum (çiçek oluşturan) oluşturmaz. Diğer alt tür olan *fastigiata* ise dört botanik varyeteye, *fastigiata*, *vulgaris* Harz, *peruviana* Krapov. & W.C. Gregory, ve *aequatoriana* Krapov. & W.C. Gregory, sahiptir (Krapovickas ve Gregory 1994). Eski dönemlerde süs bitkisi olarak kabul edilen yerfıstığı ve 1930'lara kadar hayvan yemi için tarım arazilerinde yetiştirilmiştir. Bitkinin insani tüketim için büyük ölçekli alanlarda ekimi on dokuzuncu yüzyılın başlarında Amerika'da başlamış ve daha sonra Asya kıtasına kadar yetiştiriciliği yayılmıştır (Arya vd. 2016; Shu-bo 2009).

Yerfıstığı, *Fabaceae* baklagil ailesinde yer alan, kendine döllen, tek yıllık otsu bir bitkidir. *A. hypogaea*'ye ait, cinsi ve tür adları, yabancı ot anlamına gelen Yunanca arachos ve yeraltı odası anlamına gelen hypogaea sözcüklerinden türetilmiştir (Adinya vd. 2010). Botanik olarak yan dallara göre şekil ve boyut olarak farklılık gösteren yaprakçıklara sahip bir tetrafoliyattır. Yerfıstığı jeokarpik bir bitkidir, yani meyvelerini (kapsülleri) toprak altında üretmektedir. Yerfıstığı kapsülleri tipik olarak bakla bölgesi olarak adlandırılan 7-10 cm derinlikte bulunur (Ademiluyi vd. 2011). Yerfıstığı oluşumu, epigeal (soya fasulyesinde olduğu gibi hipokotil uzar ve kotiledonlar yer üstünde ortaya çıkar) ve hipogeal (kotiledonlar yerin altında ortaya çıkar) (kotiledonlar bezelyede olduğu gibi yerin altında kalır) oluşumlar arasında biraz farklılık göstermektedir. Yerfıstığı bitkisi, iyi gelişmiş bir kazık kök ve çok sayıda yan köke sahiptir. (Nigam 2014). Dallar üzerinde yer alan boğumlar bir veya birkaç çiçeğe sahip olabilir. Çiçekleri sarı renktedir ve vejetatif olmayan dallar üzerinde yer alır. Tek çiçek, en dışta 5 adet çanak yaprak, bunun içinde 2 kayıkçık, 2 kanatçık ve 1 bayrak yaprak bulundurur. İlk çiçeklenme ekim tarihinden yaklaşık 20-40 gün sonra meydana gelir ve çiçekler açılıp yumurtalık döllendikten yaklaşık 10 gün sonra yumurtalığın altındaki meristem dokusu uzamaya başlar ve bir uzantı meydana getirir. Bu uzantıya ginofor adı verilir. Kapsüller bu gineforların uç kısmında meydana gelir ve gelişir. Bitki yapraklarının çoğu sarardığında ve kapsüller sertleştiğinde hasat edilir (Nursima 2009) ve çeşide bağlı olarak bu işlem ekimden 120 – 150 gün sonra gerçekleşir (Oyelade vd. 2011).

Yerfıstığının kimyasal bileşimi üzerine yapılan çalışmalar yerfıstığının karbonhidratlar, proteinler, lipitler, diyet lifleri, mineraller ve vitaminlerden oluştuğunu ortaya koymuştur (Akhtar vd. 2014). Tohumlarında oransal olarak %44-56 oranında yağ ve %22-30 oranında protein bulunmaktadır (Nigam 2014). Yerfıstığı arzu edilen bir yağ

asidi profiline sahip olup yağ içeriğinin çoğu oleik ve linoleik asitlerden oluşmaktadır (Lopez vd. 2000). Yerfıstığı, kaju, badem, antep fıstığı ve ceviz, gibi diğer sert kabuklu yemişler ile karşılaştırıldığında yüksek oranda E vitamini, niasin, kalsiyum, fosfor, magnezyum, çinko, demir, riboflavin, tiamin ve potasyum içerdiği görülmektedir (Settaluri vd. 2012). Yerfıstığı şekerleme endüstrisinde doğrudan tüketim amaçlı kullanılırken, günlük tüketimde bitkisel yağ ve hayvansal üretimde yem kaynağı olarak kullanılmaktadır (Pandey vd. 2012). Yerfıstığı'nın bu çok amaçlı kullanımı onu yerel ve uluslararası ticarete mükemmel bir ürün haline getirmektedir (Pandey vd. 2012). Yüksek doymamış yağ asit içeriği nedeniyle yerfıstığı yağı, doymuş yağlardan daha sağlıklı kabul edilir ve acılığa karşı dirençlidir. Ek olarak, oleik asit olan tekli doymamış yağ, sağlıklı bir yağ türüdür ve cilt sağlığı ile ilişkilendirilmiştir (Özcan 2010). Hem epidemiyolojik hem de kardiyovasküler hastalık riskini ve risk faktörlerini azalttığı klinik çalışmalarla kanıtlanmıştır (Stephens vd. 2010, Kris vd. 1999, Fraser vd. 1992).

Yerfıstığı, iyi drenaj edilmiş tınlı-kumlu, kumlu-killi-tınlı veya yeterli kalsiyum ve organik maddece zengin ve pH'ı 5.0-6.2 olan kumlu-tınlı topraklarda gelişir. İdeal toprak sıcaklığı 18 ila 30°C arasındadır. Yerfıstığı, önemli bir tropikal bitki olarak, uzun ve sıcak bir büyüme mevsimi gerektirir (Weiss vd. 2000). Ekim sırasındaki düşük sıcaklıklar çimlenmeyi geciktirebilir, aşırı sıcaklıklar ve düşük bağıl nem ise çiçeklenmeyi ve sapa kalkmayı etkiler. Yerfıstığı bir çapa bitkisi olup yetiştirme süresi boyunca çapalandığı için, yabancı otlar temizlenmekte ve toprak havalandırılmaktadır. Bu artı de, iyi bir ekim nöbeti bitkisi olarak değerlendirilebilir (Aşık vd. 2018). Yerfıstığı, diğer baklagillerde olduğu gibi, havadaki serbest azotu toprağa bağlar ve bu da toprağı organik madde bakımından oldukça zenginleştirir (Uçak vd. 2017).

2021/2022 sezonu itibariyle yerfıstığı, dünyada en fazla üretilen dördüncü yağ bitkisidir (USDA 2022). Altı kıtada yetiştiriliyor olmasına rağmen, esas olarak üretimi Asya, Afrika ve Amerika kıtalarında yapılmaktadır. Yerfıstığı dünya çapında 31.57 milyon hektarlık bir alanda yetiştirilmektedir ve toplam küresel üretim yaklaşık 53.63 milyon tondur (ağırlığa kabuk dâhildir). Çin, toplam dünya üretiminin %33,5'ini (17.93 milyon ton) gerçekleştirerek dünyanın en büyük üreticidir (FAO 2022). Çin'den sonra en büyük yerfıstığı üreticileri Hindistan ve Nijerya olup bu ülkeleri ABD izlemektedir. Türkiye, dünya da yerfıstığı ekim alanında 43.sırada, üretim açısından 26. sırada yer alırken, verim açısından 13. sırada yer almaktadır. Ülkemizde 2021 yılı verilerine göre yaklaşık 579 bin dekar alanda 234.167 tonluk bir üretim söz konusu olup ortalama verim dekara 404 kg'dır (TUIK 2022). Dolayısıyla ülkemiz yerfıstığı ortalama verimi dünya ortalamasının çok üstünde bir değerdedir (Şahin ve Aydoğdu 2021). Yerfıstığı, üretim potansiyeli ve pazarlama seçenekleri ile bölge için en ideal alternatif bitkilerden biridir. Türkiye'nin güney ve güneybatı kıyı bölgeleri ile Güneydoğu Anadolu'da ticari olarak yetiştirilmektedir. Dünyada ve ülkemizde yetişen yerfıstıkları Runner, Spanish, Valencia ve Virginia olmak üzere dört farklı pazar tipinde yer almaktadır. Ülkemizde ise ağırlıklı olarak yarı yatık forma sahip Virginia grubundan meydana gelmektedir (Yılmaz vd. 2022). Türkiye 104 yıldır yerfıstığı üretmesine rağmen, ekim, hasat ve harman teknolojisi önemli ölçüde gelişmemiştir. Ülkemizdeki en ciddi sorunlardan biri de bazı bölgelerde aflatoksin hastalığıdır. Ayrıca biyotik ve abiyotik değişkenler yerfıstığı üretimini ve kalitesini olumsuz etkileyen en önemli faktörler arasında yer almaktadır.

Yerfıstığında ürün verimliliğini artırmak, kaliteyi yükseltmek ve hastalık ve zararlılara dayanıklı çeşitler geliştirmek amacıyla geleneksel ıslah teknikleri kullanılmış ve önemli ölçüde başarılar elde edilmiştir. Ancak yerfıstığında artan talebi karşılamak ve yüksek kaliteyi yakalama adına daha hızlı ve daha yoğun ıslah programlarına ihtiyaç bulunmaktadır. Çeşitli ılıman tahıl bitkilerinde (Varshney vd. 2006) ve bazı baklagil bitkilerinde (Varshney vd. 2010a) yapılan çalışmalar geleneksel ıslah yoluyla yönetilmesi zor olan özelliklerin seleksiyonunda ve karakterizasyonunda moleküler markerlerin oldukça önemli avantajlar sağladığını ortaya koymuştur (Janila vd. 2016). Günümüz ıslah çalışmalarında mısır, soya, çeltik ayçiçeği gibi endüstriyel bitkilerin ıslahında yoğun olarak kullanılan moleküler markerler ıslah sürecinin elzem bir parçası haline gelmiş olup çoğunlukla seleksiyon, haritalama ve genetik çeşitlilik belirleme çalışmalarında tercih edilmektedir. Bahsi geçen endüstriyel bitkilere kıyasla yerfıstığı ıslahında istenen ivmeyi yakalama adına moleküler araçların tam entegrasyonu oldukça önemlidir. Bu kapsamda ele alınan bu tez çalışmasında InDel ve SSR markerlerin geliştirilmesi ve yerfıstığı ıslah programlarında kullanılmak üzere bu markerlerin dünya literatürüne sunulması planlanmaktadır. İçerisinde farklı kıtalardan köken alan 25 genotipin yer aldığı koleksiyondan geliştirilecek markerlerin dünya üzerinde farklı popülasyonlarda başarı ile uygulanma ihtimali oldukça yüksektir. Ortaya konulacak marker bilgisinin yerfıstığında genetik çeşitlilik, seleksiyon ve genetik haritalama çalışmalarında kullanılması amaçlanmaktadır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Moleküler Markerler

Moleküler markerler bir popülasyonda veya gen havuzunda bir genin allelleri arasındaki polimorfizmi saptamak için kullanılabilen DNA parçacıklarıdır. Kısaca farklı bireyler arasında polimorfizm gösteren DNA dizisinin küçük bir bölgesi olarak tanımlanabilir. Polimorfizm sağlayan bölgeler eklenmeler, silinmeler, yer değiştirmeler, duplikasyonlar gibi olaylardan meydana gelebilir (Filiz ve Koç 2011). Günümüzde DNA markerleri kullanılarak gen etiketleme, genetik haritalama, harita temelli tarımsal açıdan önemli genlerin belirlenmesi, dayanıklılık kaynaklarının ortaya konması, genetik çeşitlilik çalışmaları, filogenetik analizler ve seleksiyon çalışmaları yoğun şekilde yapılmaktadır (Joshi vd. 2000). En yaygın kullanılan markerlerden SSR veya mikrosatellitler, ökaryotik genomlar boyunca dağılmış ve ardışık olarak tekrarlanmakta olan 2-6 nükleotid gruplarından oluşmaktadır. RAPD ise PCR bazlı bir işaretleme sistemidir. Bu sistemde, bir bireyin toplam genomik DNA'sı, tek, kısa (genellikle yaklaşık on nükleotid/baz) ve rastgele bir primer kullanılarak PCR ile çoğaltılır. Birçok farklı lokusa bağlanan primer, tamamlayıcı olan kompleks bir DNA şablonundan rastgele dizileri amplifiye için kullanılır. Amplifikasyon iki hibridizasyon bölgesi birbirine (en az 3000 bp) benzerse ve zıt yönlerde PCR sırasında gerçekleşebilir. SNP markerler için yeni nesil dizileme verilerine ihtiyaç olup ıslah sürecinde kullanılmak üzere bir okuma sonrası milyonlarca marker geliştirmek mümkündür. InDel (insertion- deletion) bölgeleri genom boyunca bol miktarda bulunan yapısal varyasyonlardır ve polimeraz kayması, transpozonlar, eşit olmayan crossing-over neticesinde meydana gelirler. Bazen organizmada fonksiyon kaybına yol açabilirler (Lovett 2004). En yaygın InDel durumları tek baz eklenme ve çıkarılması, delesyon ve monomerik ya da polimerik baz çiftlerinin eklenmesinden kaynaklanmaktadır. Bu markerler birçok populasyon genetiği, tanımlama, genetik haritalama çalışmalarında farklı bitkilerde kullanılmıştır (Wu vd. 2013; Yang vd. 2014).

2.2. Indel Markerlerin Geliştirilmesi ve Uygulanması Konusunda Yapılan Çalışmalar

Yeni nesil dizileme verileri kullanılarak dünyada InDel markerlerin geliştirilmesi ve kullanılması ile ilgili farklı çalışmalar yapılmıştır. Yamaki vd. (2013) Oryza cinsinde genom tipi sınıflandırmasına izin veren bir InDel marker geliştirmeyi amaçlayan bir çalışmayı ele almıştır. Araştırmacılar bilinen 12 Oryza türü için veri tabanlarını araştırarak çalışmalarına başlamışlar ve 2107 olası InDel aday dizisini keşfetmişlerdir. Daha sonra, sahip oldukları yabani türleri ayırt edebilmek için geliştirilen markerler testlenmiş ve çeşitli türlerin ayırt edilmesini sağlayan 22 adet InDel marker geliştirilmiştir.

Wu vd. (2014) SSR ve InDel markerleri kullanarak susam koleksiyonunda genetik çeşitliliği belirlemeye çalışmışlardır. 130 susam genotipinin kullanıldığı çalışmada 349 SSR ve 79 InDel marker tarama işleminde değerlendirilmiş ve 86 markerin polimorfik olduğu ortaya konmuştur. Yürütülen genetik çeşitlilik analizinde 325 allel keşfedilmiş ve ortalama gen çeşitliliği 0.432 olarak hesaplanmıştır. Popülasyonda iki ana ve beş alt grubun varlığı, modele dayalı yapısal analiz, filogenetik kümeleme ve moleküler varyans analizi (AMOVA) bulgularıyla gösterilmiştir.

Wei vd. (2014) tarafından ele alınan çalışmada transkriptom analizi sonrası SNP ve InDel bölgeleri belirlemişlerdir. Araştırmacılar, uzunlukları 1 ila 38 bp arasında değişen toplam 21 InDel çeşidi keşfetmiş ve en küçük InDel (1-2 bp) uzunluğunda en yaygın olarak nitelendirilmiştir (%80). Ayrıca, protein kodlayan alanlarda 4959 (yüzde 66,56) SNP bulunmuştur. Rastgele seçilen SNP'lerin yüzde 92.5'inde ve InDel markerlerin yüzde 95.0'ında polimorfizm bulunmuştur. Aynı zamanda, yeni oluşturulan polimorfik SNP ve InDel markerleri 36 ticari susam çeşidinde test edilmiş ve markerlerin %90'ından fazlası tahmin edilen polimorfik amplifikasyonları göstermiştir.

Song vd. (2015) yeni nesil dizileme verilerini kullanarak Çin'in yerel soya fasulyesi çeşitleri olan Hedou 12 ve Williams 82'yi ele almışlardır. Yapılan analizler sonrasında Hedou 12 ve Williams 82 dizileri arasında 49276 InDel polimorfizmi ve 242059 tek nükleotid polimorfizmi keşfedilmiştir. Teyit için, 5 ila 50 bp arasında değişen 243 potansiyel InDel markeri seçilmiş ve bu çeşitler arasında polimorfizm bulunmuştur. Araştırmacılar ayrıca soya fasulyesindeki buruşuk yaprak özelliğinin genetik haritasını belirlemek için tasarladıkları InDel markerleri de başarıyla kullanmışlardır. Çalışma, yüksek verimli dizileme verilerinin soya fasulyesinde genetik haritalama çalışması için yüksek kaliteli marker oluşturmada etkili olduğunu ortaya koymuştur.

Wei vd. (2016), iki susam çeşidinin (Baizhima ve Mishuozhima) tüm genomunu dizilemiş ve de novo assembly kullanarak sırasıyla 267 ve 254 Mb'lik iki draft genom elde etmiştir. Analizler sonrası toplam 1.3 milyon SNP ve 506 bin InDel bulunmuştur. Bu varyasyonlar arasında, yaklaşık 70 bin SNP ve 8311 InDel'in gen kodlayan bölgelerde yer aldığı tespit edilmiştir. Araştırmacılar elde ettikleri bölgelerin susamda önemli karakterlerin karakterizasyonunda kullanılabileceğini ifade etmişlerdir.

Osorio vd. (2017) sarı acı bakla genetiği ve ıslahına yardımcı olmak için yeni polimorfik InDel markerleri üretmeyi amaçlamışlardır. Yapılan genetik analizde geliştirilen 118 InDel'in polimorfik olduğu tespit edilmiştir. 18 InDel primer seti ise bir çekirdek koleksiyonunda test edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (HO; 0.0648 – 0.5564) ve polimorfik bilgi içeriği (PIC, 0.06 – 0.48), koleksiyonun önemli genetik çeşitliliğe sahip olduğunu ortaya koymuştur. Son olarak, InDel markerlerin geliştirilmesinin, araştırmacıların *L. luteus* popülasyonlarının ve yakından ilişkili türlerin genetik çeşitliliğini analiz etmede yardımcı olacağı ortaya konmuştur.

Wang vd. (2018), 56 soya fasulyesi genotipinden elde edilen verileri kullanarak, 17613 InDel lokasyonunu keşfetmişler ve 12619 primer çifti oluşturmuşlardır. 2841 primer çifti kullanılarak bir linkage haritası üretilmiş ve 20 linkage grubu bulunmuştur. Üretilen haritada, genel genetik mesafenin 2347.3 cM olduğu belirtilmiştir. Komşu markerler arasındaki en uzun ve en kısa genetik mesafeler sırasıyla 52.3 cM ve 0.1 cM olarak tespit edilmiştir. Araştırmacılar daha sonra oluşturmuş oldukları haritayı kullanarak çiçeklenme gün sayısı karakterini haritalamışlardır. Karakter bir QTL olarak ifade edilmiş ve bir büyük (qDTF4) ve dört küçük QTL (qDTF20, qDTF13, qDTF12 ve qDTF11) bölgesi tanımlanmıştır. Araştırmacılar tarafından rapor edilen veriler, InDel markerlerin soya fasulyesindeki haritalama işlemlerinde kullanılabileceğini göstermektedir.

Jain vd. (2019) genom destekli marker kaynaklarını artırmak amacıyla beş spesifik olmayan (ICC 4958 × PI 489777) ve iki intraspesifik (ICC 283 × ICC 8261 ve

ICC 4958 × ICC 1882) haritalama popülasyonunu kullanarak nohutta InDel marker geliştirme araştırmasını ele almışlardır. Analizler sonrasında toplam 231658 InDels oluşturulmuştur. Ek olarak, jel bazlı markerlerin oluşturulması için ≥ 20 bp boyutunda toplam 8.307 InDel seçilmiştir. Geliştirilen linkage haritasında ortalama olarak, en fazla sayıda marker CaLG04'te (1.952 InDels) ve en az sayıda marker CaLG08'de (360 InDels) bulunmuş ve her linkage grubunda ortalama 1038 InDels tespit edilmiştir. Doğrulama için toplam 423 primer çifti rastgele seçilmiş ve %3'lük agaroz jelde ebeveynler arasında %46.06 ila %58.01'lik bir polimorfizm tespit edilmiştir.

Kizil vd. (2020) Akdeniz susam koleksiyonuna ait 95 hattan alınan yeni nesil dizileme verilerini kullanmışlar ve biyoinformatik analizler sonrası InDel markerleri geliştirmişlerdir. Analizler sonrasında baz uzunluğu 8 bp ve 8 bp'dan büyük olan 86 InDel bölgesi tespit edilmiştir. Bu bölgeler, agaroz jelle düşük maliyetli genotipleme çalışmalarında InDel markerlerin geliştirilmesi için kullanılabilir olanağına sahip olduğu için araştırmacılar tarafından seçilmiştir. Bu InDel'lerin validasyonu için belirlenen 38 InDel bölgesi için primerler geliştirilmiş ve başarıyla amplifiye edilmiştir. Bu InDel'lerin yaklaşık %13'ü gen kodlayan (CDSs) ve çevrilmeyen bölgelerden (UTRs) elde edilmiştir. Ayrıca, seçilen 16 InDel markerin etkinlikleri 32 susam hattında incelenmiş ve bu markerlerin polimorfik bilgi içeriğinin (PIC) 0.06 ile 0.62 (ortalama: 0.33) arasında değişmekte olduğu bildirilmiştir.

2.3. SSR Markerlerin Geliştirilmesi ve Uygulanması Konusunda Yapılan Çalışmalar

Genom verilerini kullanarak SSR markerlerin geliştirilmesi konusunda birçok çalışma bulunmaktadır. Yerristği bitkisinde yürütülen bir çalışmada Hopkins vd. (1999) genomid DNA kütüphaneleri oluşturmuş ve ^{32}P ile işaretlenmiş ve (GT)₁₀ ve (CT)₁₀'dan dinükleotid tekrarlarını taramışlardır. SSR içeren klonlardan elde edilen DNA dizileri ise primer dizaynı için kullanılmıştır. Geliştirilen markerler içerisinde kültür ve yabani formların olduğu koleksiyonu taramada kullanılmıştır. Teste edilen 19 genotipi içerisinde 17 genotipin geliştirilen markerler ile başarılı bir şekilde ayırt edilebildiği ifade edilmiştir.

Ferguson vd. (2004) tarafından ele alınan çalışmada 24 yerristği çeşidinde genetik çeşitliliği yansıtan 110 STMS (sequence-tagged microsatellite site) markeri tanımlamıştır. Basit dizi tekrarları (SSR'ler), iki 27.648 klonlu genomik kitaplıktan oluşan bir prob kullanılarak keşfedilmiş: biri PstI kullanılarak ve diğeri Sau3AI/BamHI kullanılarak üretilmiştir. Gözlemlenen en yaygın tekrar motifleri, tespit edilen tüm SSR'lerin sırasıyla %29 ve %28'ini oluşturan ATT ve GA iken, ardından AT, CTT ve GT motifleri gözlemlenmiştir. Amplifiye edilebilir primerlerden ATT'nin %81'i ve GA tekrarlarının %70,8'i, yetiştirilen yerristği test dizisinde polimorfik olarak belirlenmiştir. AT tekrar motifi, lokus başına en fazla sayıda allel sergilemiştir (5.7). ATT, GT ve GA, sırasıyla 4.8, 3.8 ve 3.6 lokus başına ortalama allel sayısına sahip olduğu belirtilmiştir.

Mace vd. (2006) tarafından yürütülen çalışmada pas ve yaprak lekesine karşı farklı derecelerde hastalık dayanıklılığına sahip 22 tane genotip 23 SSR markeri kullanılarak test edilmiştir. 23 lokusta 135 allel gözlenirken 23 SSR'nin 12'sini yüksek polimorfizm göstermiş PIC değerleri $\geq 0,5$ üzerinde elde edilmiştir.

Tang vd. (2007) tarafından ele alınan çalışmada dört set halinde farklı botanik varyetelerden 34 genotip genetik kaynak olarak kullanılmıştır. 34 SSR markerin genetik çeşitliliği belirlemede kullanıldığı analizlerde maksimum farklılık indeksi 0.092 olarak ortaya konmuştur. Botanik varyeteler arasındaki genetik uzaklık ortalama var. *fastigiata*, var. *hypogaea*, var. *vulgaris*, var. *hirsuta* için sırasıyla 0.59, 0.46, 0.38 ve 0.17 olarak belirlenmiştir.

Naito vd. (2008) seçilen 13 SSR marker setini kullanarak Japonya yerfıstığı germplazmının çeşitliliğini ve genetik bağlantılarını analiz etmiştir. *A. hypogaea*'nın 201 genotipi ve *Arachis* yabani türlerinin 13 germplazmı genetik materyal olarak çalışmada ele alınmıştır. Analizler sonrasında *A. hypogaea*'da 108 polimorfik allel olduğu ortaya konmuştur. Alleller, marker başına ortalama 8.3 olmak üzere 3-15 arasında değişmiştir.

Guo vd. (2009) 290 yeni EST tabanlı SSR marker geliştirmiş ve bu markerleri kültür yerfıstığı ve yabani türlerde amplifikasyon ve polimorfizm açısından değerlendirmiştir. Analizler sonrası düşük kaliteli diziler çıkarıldıktan sonra toplam 14.432 yüksek kaliteli EST tanımlanmıştır. Belirsiz fonksiyonlara sahip genleri gösteren önemli sayıda EST (5717) bulunmuştur. Ayrıca, benzersiz diziler arasında 856 EST-SSR ortaya konmuştur. Bu çalışmadaki EST verilerinin kültür yerfıstığında gen tanımlaması ve SSR markerlerin üretilmesi için yeni bir bilgi kaynağı olduğu araştırmacılar tarafından ifade edilmiş olup toplam 16931 EST, NCBI GenBank veri tabanına ES751523-ES768453 erişim numaralarıyla kaydedilmiştir.

Yuan vd. (2010) tarafından ele alınan çalışmada yerfıstığı SSR kütüphaneleri kullanılmış GGC motifi içeren izole edilmiştir. Çalışmada GGC motifi içeren 143 farklı dizi elde edilmiş ve 137 tanesi için başarılı şekilde primer dizaynı yapılmıştır. Geliştirilen SSR markerler için düşük polimorfizm gözlenmesine karşın yabani tiplere taşınabilirliği yüksek olduğu ayrıca belirtilmiştir.

Zhao vd. (2012) hem kültür hem de yabani yerfıstığı türlerinde geliştirilen 9274 SSR markeri bir araya getirmişler ve bir platformda birleştirmişlerdir. Araştırmacılar sekiz yerfıstığı genotipinde markerleri testlemişler ve markerlerden 1343'ünün polimorfizm gösterdiğini ifade etmişlerdir (%14,5). Elde edilen polimorfik SSR markerlerin yerfıstığı ıslahında, yüksek verimli QTL haritalama ve markeri destekli seleksiyon için uygun DNA markerler olduğu araştırmacılar tarafından ifade edilmiştir.

Zhang vd. (2012) çeşitli yağ içeriklerine sahip üç yerfıstığı çeşidinin olgunlaşmamış tohumlarının transkriptomlarını araştırmak için Illumina HiSeq™ 2000'i kullanmışlardır. Toplam 26,1–27,2 milyon iki yönlü uçlu okuma üretilmiş ve 823 bp'lik bir N50 ile 59.077 unigen oluşturulmuştur. Toplamda unigene havuzundan üretilen 3919 mikro satelellit oluşturulmuş ve bunlardan doğrulama için SSR lokuslarına uygun 160 PCR primeri kullanılmıştır.

Ren vd. (2014) Çin'in çeşitli bölgelerinden toplanan 196 yerfıstığı genotipini genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısını incelemek amacıyla 440 SSR marker ile taramışlardır. Analizler sonrasında özellikle güney ve kuzey bölgelerden toplanan genotipler arasında farklılıklar olduğu ortaya konmuştur. Ortalama gen çeşitlilik değeri 0.11 olarak elde edilirken 86 nadir allel için frekans değeri %1'in altında bulunmuştur.

Kanyika vd. (2015) tarafından yapılan bir araştırmada, yerfıstığı rozet hastalığı, pas, erken yaprak lekesi ve aflatoksin kontaminasyonu gibi önemli yerfıstığı hastalıklarına dayanıklılık ile ilişkili olabilecek markerleri bulabilmek için 799 SSR marker ile tarama işlemi yürütmüşlerdir. SSR markerlerin 807 lokus çoğalttığı çalışmada 376 marker için PIC değer 0.06 ile 0.86 arasında değişirken 1476 allel belirlenmiş ve lokus başına allel sayısı 3.7 olarak tanımlanmıştır. Geriye kalan 423 markerin monomorfik ya da çalışmadığı belirtilmiştir. Birbirine en yakın varyeteler MGV5 ve ICGV-SM 90704 olup en uzak varyeteler se Chalimbana ve 47-10 olarak tanımlanmıştır.

Oteng-Frimpong vd. (2015) tarafından ele alınan çalışmada 48 genotipten oluşan yerfıstığı koleksiyonu 53 SSR marker kullanılarak analiz edilmiştir. 25 markerin polimorfik olduğu çalışmada PIC değeri 0.57 olarak belirlenmiştir. 48 genotipin birbiri ile çok yakın olduğu ortaya konmuştur. Elde edilen sonuçlar SSR markerlerin kullanılarak yerfıstığında genetik çeşitlilik belirlenmesinin oldukça önemli araçlar oldukları ifade edilmiştir.

Peng vd. (2016) yapmış oldukları araştırmada NCBI EST havuzundan 252,951 dizi ve RNA-Seq datasetinden 288,701 dizi elde etmişlerdir. Bu iki veri setinden 6455 yeni SSR ve 11.902 SNP elde edilmiştir. Tespit edilen SSR'lerden, PCR doğrulaması için çeşitli SSR tiplerini temsil eden 380'ini seçilmiş ve amplifikasyon oranı %89.2 olarak belirlenmiştir. Yirmi iki (%6.5) SSR'in, en az bir çift dört genotip arasında polimorfik olduğu saptanmıştır. 22 polimorfik SSR markerinden sekizi, Florida yerfıstığı ıslah hatlarının ve ABD yerfıstığı mini çekirdek koleksiyonunun genetik çeşitliliğini analiz etmek için seçilmiştir. Bu marker seti, 0.783'lük bir ortalama polimorfizm bilgi içeriği değeri göstererek önemli bir polimorfizm oranı göstermiştir.

Luo vd. (2017) yerfıstığının progenitor yabanileri *A. duranensis* ve *A. ipaensis* türlerini kullanarak SSR marker geliştirmişler. Toplamda 204.439 marker bahsi geçen diploid genomlardan geliştirilirken, çalışma kapsamında yapılan QTL çalışmasında geliştirilen SSR markerler kullanılmış ve iç oranı karakteri için 25 QTL bölgesi tanımlanmıştır.

Ma vd. (2020) ele aldıkları çalışmalarında 2556.9-Mb genomik veriden 512.900 mikrosatellit keşfetmişlerdir. Tespit edilen mikro satellitlerin uç dizilerine dayalı olarak 7757 primer çifti (işaretleyici) geliştirilmiş ve tetraploid olan Tifrunner ve Shitouqi *Arachis* çeşitlerinde ve diploid ata türler olan, *A. duranensis* ve *A. ipaensis*'de test edilmiştir. In silico PCR analizleri, SSR markerlerinin dört *Arachis* genotipinde iyi amplifikasyon etkinliği ve polimorfizm sergilediğini göstermiştir. Özellikle, bu markerlerin yaklaşık %60'ının tetraploid *Arachis* türlerinde tek lokus SSR'ler olması, yerfıstığının A ve B alt genomlarının allelleri ayırt etmede daha net oldukları araştırmacılar tarafından belirtilmiştir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Genetik materyal

Çalışmada genetik materyal olarak 8 farklı ülkeden köken alan ve ICRISAT ve USDA gen bankalarından elde edilen yerfıstığı tohumları kullanılmıştır (Çizelge 3.1). En fazla genetik materyal ile temsil edilen ülke 6 genotip ile ABD olurken, Bolivya, Çin, Kıbrıs, Hindistan, İsrail, Japonya ve Zambiya kökenli diğer 19 genotip de koleksiyona dahil edilmiştir.

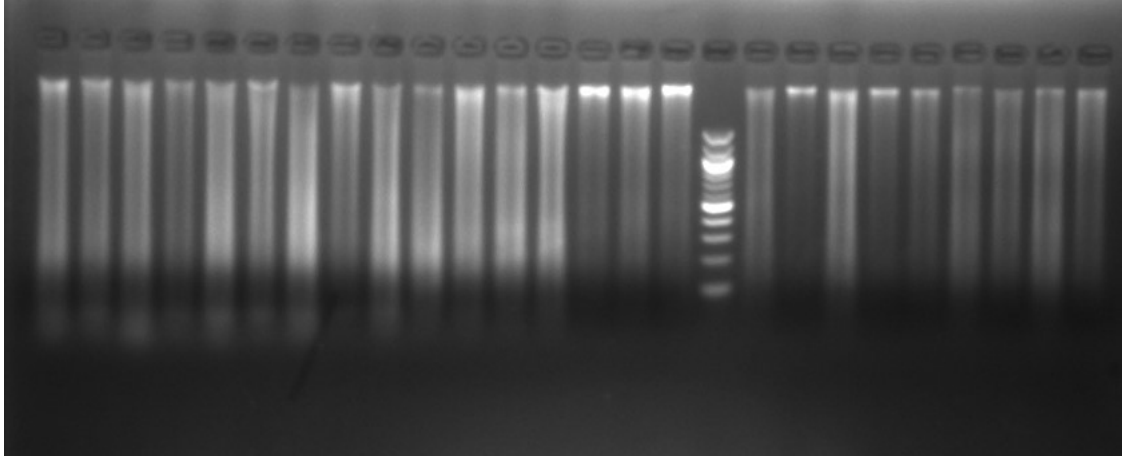
Çizelge 3.1. Çalışması kapsamında dizilemede kullanılan genotipler ve orijinleri

Genotip	Orijin	Genotip	Orijin
ICG 10870	Bolivya	PI 442583	Japonya
ICG 13300	Bolivya	ICG 6671	ABD
ICG 12635	Bolivya	ICG 5687	ABD
PI 512279	Çin	PI 578304	ABD
PI 602062	Çin	PI 584772	ABD
PI 433350	Çin	PI 561568	ABD
PI 596514	Kıbrıs	NC7	ABD
PI 614083	Hindistan	ICG 14335	Zambiya
ICG 13338	Hindistan	ICG 10991	Zambiya
ICG 5344	Hindistan	PI 269081	Zambiya
ICG 13357	Hindistan		
PI 614084	Hindistan		
PI 289620	İsrail		
PI 459094	Japonya		
PI 442579	Japonya		

3.2. Metot

3.2.1. Yeni nesil dizileme

Bu tez çalışmasında insersiyon ve delesyon bölgelerinin belirlenebilmesi için sekiz farklı ülkeden köken alan 25 farklı yerfıstığı genotipine ait genomik veriler kullanılmıştır. Genotiplere ait dizi verilerine ulaşabilmek için öncelikle genotipler çimlendirilmiş ve ardından DNA izolasyonu (Doyle ve Doyle 1990) yapılmıştır. Tüm genotipler için elde edilen agaroz jel görüntüsü ise Şekil 4.1’de yer almaktadır. Dizileme sonrası yüksek kaliteli veri elde edilebilmesi adına DNA temizliği oldukça önemli olup izole edilen DNA’lar kütüphane hazırlık aşaması öncesi kolondan geçirilmiştir. Her bir DNA için kütüphanelerin oluşturulması için Peterson vd. (2012) tarafından geliştirilen çift enzim ile kesme imkânı veren dddRAD-Seq tekniği kullanılmıştır.



Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan genotiplerde DNA izolasyonu sonrası elde edilen jel görüntüsü

3.2.2. Biyoinformatik analizler

Biyoinformatik analizler her bir genotipin barkodlarından ve adaptörlerinden arındırılması ile başlamıştır. Sıkıştırılmış bir dosyada yer alan her bir genotipe ait barkodlu veriler Je-Demultiplex (Galaxy Version 1.2.1) yazılımı kullanılarak açığa çıkarılmıştır. Ardından fastp (Galaxy V. 0.23.2+galaxy0) yazılımı ile her bir fastq dosyasındaki adaptörler temizlenmiştir. Elde edilen filtrelenmiş okumalar NCBI gen bankasından alınan yerfistığı referans genomu (arahy.Tifrunner.gnm1.KYV3) (https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/003/086/295/GCF_003086295.2_arahy.Tifrunner.gnm1.KYV3/GCF_003086295.2_arahy.Tifrunner.gnm1.KYV3_genomic.fna.gz) referans genomu ile eşleştirilmiş ve BAM dosyaları belirlenmiştir. Bunun işlem için Bowtie2 (Galaxy Version 2.4.2+galaxy0) yazılımı kullanılmıştır. Her bir genotipe ait varyantları belirlemek için freebayes (Galaxy Version 1.3.1) yazılımı kullanılmış olup SNP ve insersiyon-delesyon dosyalarını içeren tüm VCF (Variant Call Format) dosyaları VCFcombine (Galaxy Version 1.0.0_rc1+galaxy0) programı ile birleştirilmiş ve elde edilen veriler bir excel dosyasına aktarılmıştır. Bu dosyada ise insersiyon (ekleme) ve delesyon (silme) bölgeleri belirlenmiş, SNP bölgeleri elemine edilmiştir. Son aşamada ise insersiyon ve delesyon bölgeleri bp cinsinden boyutlarına göre kategorilere ayrılmıştır.

3.2.3. Primer dizaynı

Öncelikle belirlemiş olduğumuz BAM dosyaları ve referans genom Integrated Genome Browser (IGB) (Freese vd. 2016) yazılımına yüklenmiş ve tespit edilen tüm 10 bp üzeri insersiyon-delesyon bölgelerinin varlığı doğrulanmıştır. Primer tasarımı için IGB yazılımından görsel yardım alınmış ve seçilen bölgeler için primer tasarımı Primer 3 (<http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>) programı kullanılarak yapılmıştır.

3.2.4. Polimeraz zincir reaksiyonu analizleri

Bu tez çalışmasında, hedeflenen gen alanlarını çoğaltmak amacıyla tasarlanmış olduğumuz markerler kullanılarak PCR analizleri yapılmıştır. Her primer, geliştirilen

markerleri doğrulamak amacıyla koleksiyondan rastgele seçilen toplu DNA'larla test edilmiştir. Araştırmada kullanılan PCR yöntemi optimize edilerek, en iyi sonucu veren solüsyonun miktar ve oranları belirlenmiştir. PCR uygulamaları için MyGenie-96 Gradient Thermal Cycler cihazı kullanılmıştır. Çizelge 3.2 kullanılan PCR programını gösterirken, Çizelge 3.3 PCR çalışmalarında kullanılan bileşenlerini göstermektedir.

Çizelge 3.2. Tez kapsamında markerlerin testlenmesinde kullanılan PCR programı

PCR programı	
95°C	2 dakika 30 saniye
95°C	45 saniye
50°C	20 saniye
60°C	50 saniye
92°C	20 saniye
50°C	20 saniye
60°C	50 saniye

Çizelge 3.3. Tez kapsamında markerlerin testlenmesinde kullanılan PCR bileşenleri

Bileşenler	Miktar (1X)
Dna (20 ng/μl)	1 μl
Taq buffer (10X)	1 μl
MgCl ₂ (25 mM)	1 μl
dNTP (10 mM)	0,3 μl
Primer (10 μM)	0,3μl
Taq polimeraz (5 u/μl)	0.2 μl
ddH ₂ O	16 μl

Yukarıdaki çizelgelerde gösterildiği gibi döngüler tamamlanmış ve PCR analizleri yapılmıştır. PCR ürünleri PCR sonrası elektroforeze kadar -20°C'de muhafaza edilmiştir.

3.2.5. Elektrolit çözeltisi

Elektroforezde tampon çözeltisi olarak Tris/Borate/EDTA (TBE) kullanılmıştır. Bu çözelti pH 8.3 olacak şekilde 10x yoğunluğunda hazırlanmış ve 1 lt suda özdürülmüştür. Bu stok çözeltiden alınan 100 ml saf su ile 1 lt'ye tamamlanmış olup elektroforez için 1x'lik TBE tamponu hazırlanmıştır. Bu çözeltinin hazırlanmasında kullanılan kimyasallar ve miktarları aşağıdaki gibidir;

- 54 g Tris base
- 27.5 g borik asit
- 40 ml EDTA (0.5 M, pH: 8.3)

3.2.6. Jelin hazırlanması

Elde edilen PCR ürünlerini görsel olarak değerlendirmek ve ayırt etmek için agaroz jel elektroforezi yapılmıştır. Agaroz jel, TBE tampon çözeltisi ile homojen olarak karışması için bir erlen mayer şişede mikrodalgada ısıtılarak hazırlanmıştır. Bu işlem sırasında 100 ml jele 5.0 L Ethidium Bromide (10 mg/ml) ilave edilmiştir. Jelin kaynayıp şişeden taşmasına izin vermeden yarı saydam bir görünüm elde edene kadar (2-3 dakika) jel ısıtılmış ve elektroporez plağına dökmeden önce soğutulmuştur. DNA örneklerinin jel plağına yüklenmesi için taraklar konularak kuyular yapılmıştır. Jel tamamen donduktan sonra, taraklar dikkatlice çıkarılmış ve jelin üst yarısını kaplayacak kadar elektrolit çözeltisi (1x TBE) ile tank doldurulmuştur.

3.2.7. PCR ürünlerinin jele yüklenmesi ve elektroforez işlemi

Seçilen markerleri doğrulamak için, her primer için elde edilen PCR ürünlerinden 10 ul alınmış ve 3 ul yükleme boyası (bromofenil mavisi) eklenip birlikte karıştırılmıştır. Toplamda 13 ul PCR ürünü yüzde 2'lik hazırlanan agaroz jele yüklenmiştir. Elektroporez jel yaklaşık 40 dakika boyunca 75 voltta koşturulmuştur. Elde edilen bantların boyutunu değerlendirmek için Bioron 100 bp DNA marker kullanılmıştır. Elde edilen bantlar, UV ışığı altında, DNR-Minilumi cihazı kullanılarak görüntülenmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Indel Markerlerin Geliştirilmesi ve Testlenmesi

Sekiz farklı ülkeden köken alan 25 farklı yerfıstığı genotipinin ddRAD-Seq ile analizi sonrası toplam 3.69 gb'lık bir veri elde edilmiştir. Filtreleme öncesi toplam okuma değeri yaklaşık 70.37 M olup, düşük kaliteli okumaların filtrelenmesi sonrasında yaklaşık 65.81 M olarak belirlenmiştir. En yüksek okuma değeri Hindistan kökenli ICG5344 genotipinde gözlenirken, en düşük okuma ise Zambiya kökenli ICG14335 genotipinden elde edilmiştir. Dizilerin filtreleme öncesine ve sonrasına ait okumalar ile GC (Guanin-Sitozin) içeriği Çizelge 4.1'de yer almaktadır.

Çizelge 4.1. Filtreleme öncesi ve sonrasına ait okumalar ile GC içeriği

Genotip	Orijin	Filtre Öncesi		Filtre Sonrası	
		Okuma değeri (Milyon okuma)	GC içeriği (%)	Okuma değeri (Milyon okuma)	GC içeriği (%)
ICG5687	ABD	2.998	39.270	2.803	37.948
ICG6671	ABD	2.418	38.771	2.277	37.387
NC-7	ABD	2.083	39.501	1.933	37.742
PI561568	ABD	2.109	39.110	1.956	37.708
PI578304	ABD	3.584	39.492	3.381	37.759
PI584772	ABD	3.550	39.413	3.343	37.817
ICG10870	Bolivya	2.491	38.684	2.339	37.165
ICG12635	Bolivya	3.257	39.748	3.053	37.981
ICG13300	Bolivya	2.569	39.341	2.386	38.007
PI433350	Çin	2.337	39.018	2.183	37.644
PI512279	Çin	2.882	39.585	2.685	37.910
PI602062	Çin	2.522	39.301	2.335	37.780
ICG5344	Hindistan	4.101	39.207	3.896	37.636
ICG13338	Hindistan	2.154	39.509	2.020	38.084
ICG13357	Hindistan	3.837	39.773	3.613	37.919
PI614083	Hindistan	2.367	39.030	2.182	37.711
PI614084	Hindistan	3.427	39.290	3.240	37.920
PI289620	İsrail	3.819	39.068	3.599	37.628
PI442579	Japonya	2.572	39.645	2.364	37.712
PI442583	Japonya	2.517	39.055	2.357	37.195
PI459094	Japonya	3.622	40.120	3.279	37.696
PI596514	Kıbrıs	1.991	39.129	1.854	37.649
ICG10991	Zambiya	2.515	38.954	2.372	37.416
ICG14335	Zambiya	1.717	38.691	1.601	37.393
PI269081	Zambiya	2.936	38.739	2.765	37.367
Ortalama		2.810	39.250	2.630	37.680
Toplam		70.370		65.810	

Yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak 25 yerfistığına ait okumalar önce barkodlar ve adaptörlerinden temizlenmiş, referans genomla eşleştirilmiş ve ardından tüm varyantlar tanımlanmıştır. SNP, insersiyon ve delesyon bölgelerinin bulunduğu varyant dosyası (vcf) sadece insersiyon ve delesyon bölgeleri kalacak şekilde filtrelenmiş ve excel dosyasına aktarılmıştır. Çalışmada referans genoma göre bp olarak 1 veya daha fazla farklılık gösteren 62728 insersiyon ve delesyon (In-Del) bölgesine rastlanmıştır. Bu bölgelerin 27588 tanesi insersiyon ve 35140 tanesi delesyon bölgesi olarak tanımlanmıştır (Çizelge 4.2). İnsersiyon ve delesyon (In-Del) bölgelerinin %56.04'ünü delesyonlar oluştururken, %43.9'sunu insersiyonlar oluşturmuştur. En çok insersiyon ve delesyon, Arahy 08 kromozomunda gözlenirken en az Arahy 07 kromozomunda belirlenmiştir. En yüksek insersiyon ve delesyon değerleri Arahy 08 kromozomunda gözlenmiştir.

Çizelge 4.2. Genomda 1 bp ve üzeri insersiyon-delesyon sayıları ve dağılımı

RefSeq kodu	Kromozom	Toplam insersiyon-delesyon	Delesyon	İnsersiyon
NC_037618.1	Arahy.01	3507	1811	1696
NC_037619.1	Arahy.02	2828	1571	1257
NC_037620.1	Arahy.03	4313	2382	1931
NC_037621.1	Arahy.04	4763	2185	2578
NC_037622.1	Arahy.05	2654	1599	1055
NC_037623.1	Arahy.06	2862	1635	1227
NC_037624.1	Arahy.07	2018	1219	799
NC_037625.1	Arahy.08	5696	2204	3492
NC_037626.1	Arahy.09	2468	1521	947
NC_037627.1	Arahy.10	3195	1799	1396
NC_037628.1	Arahy.11	2738	1630	1108
NC_037629.1	Arahy.12	2594	1600	994
NC_037630.1	Arahy.13	3123	1893	1230
NC_037631.1	Arahy.14	2852	1709	1143
NC_037632.1	Arahy.15	2907	1816	1091
NC_037633.1	Arahy.16	3087	1849	1238
NC_037634.1	Arahy.17	2642	1600	1042
NC_037635.1	Arahy.18	2927	1714	1213
NC_037636.1	Arahy.19	2972	1832	1140
NC_037637.1	Arahy.20	2582	1571	1011
Toplam		62728	35140	27588

Çizelge 4.3. Genomda 1 bp ve üzeri insersiyon-delesyon sayıları ve kromozomlara dağılımı

	1 bp		2 bp		3 bp		4 bp		5 bp		6 bp		7 bp		8 bp		9 bp		10 bp	
	DEL	INS	DEL	INS	DEL	INS	DEL	INS	DEL	INS	DEL	INS	DEL	INS	DEL	INS	DEL	INS	DEL	INS
Arahy.01	1540	1246	151	236	56	47	24	35	10	18	6	22	5	16	5	14	4	14	10	48
Arahy.02	1367	925	133	176	31	35	20	22	1	14	3	21	1	8	1	8	3	17	11	31
Arahy.03	2027	1405	211	271	78	70	23	29	6	24	9	26	3	13	5	24	1	14	19	55
Arahy.04	1848	1954	199	377	80	101	17	32	8	16	8	21	7	12	5	13	2	13	11	39
Arahy.05	1370	753	124	136	54	37	21	25	7	26	8	13	2	8	4	10	0	11	9	36
Arahy.06	1407	917	148	122	34	39	14	29	8	19	5	15	3	12	5	12	1	14	10	48
Arahy.07	1066	548	92	100	36	31	5	18	8	16	0	19	6	9	2	11	0	13	4	34
Arahy.08	1853	2685	240	534	64	116	27	42	9	28	0	19	3	22	0	15	4	12	4	19
Arahy.09	1289	643	138	116	55	38	13	26	2	18	4	21	4	11	6	18	2	13	8	43
Arahy.10	1541	1013	157	173	56	64	9	20	9	22	2	15	3	22	3	11	2	15	17	41
Arahy.11	1395	765	147	128	44	42	17	32	10	19	5	20	2	21	3	12	1	15	6	54
Arahy.12	1376	731	139	101	54	31	14	16	6	24	4	13	0	10	0	13	1	13	6	42
Arahy.13	1626	887	167	139	56	56	21	37	5	15	5	20	6	9	5	12	0	12	2	43
Arahy.14	1476	785	148	137	55	43	11	30	4	21	4	21	1	25	2	18	2	15	6	48
Arahy.15	1587	782	129	111	53	45	27	18	2	24	4	27	1	13	2	11	1	10	10	50
Arahy.16	1606	892	142	130	49	49	15	19	9	28	8	20	2	21	0	9	2	20	16	50
Arahy.17	1372	738	135	130	51	44	12	24	5	17	5	19	6	14	2	12	1	4	11	40
Arahy.18	1496	910	136	126	49	38	14	21	5	22	4	24	0	17	4	12	0	13	6	30
Arahy.19	1586	790	150	112	59	58	16	31	5	23	1	29	2	21	0	21	3	13	10	42
Arahy.20	1356	715	126	116	39	40	27	23	7	18	4	16	2	15	2	10	3	19	5	39
Toplam	30184	20084	3012	3471	1053	1024	347	529	126	412	89	401	59	299	56	266	33	270	181	832

Bu çalışmada, tüm InDel'lerin %98.4'sı 10 bp'den az ve %1.6'ü 10 bp ve üzeri olarak belirlenmiştir. Farklı baz çiftine sahip InDel sayıları ve kromozomlara dağılımı Çizelge 4.4'te verilmiştir. Tanımlanan InDeller arasında, 1 bp uzunluğundaki okumalar %80.1 ile en fazla sayıda belirlenmiştir. 1 bp uzunluğundaki InDel'ler değerlendirildiğinde en fazla sayıda okuma Arahy 08'de belirlenirken, en az sayıda okuma Arahy 07'de gözlenmiştir (Çizelge 4.3).

Geliştirilen markerlerin etkin kullanılabilir olması için önemli kriterlerden biri de agaroz jelde ayırt edilebilmeleridir (Asif vd. 2008). Bu nedenle bu tez çalışmasında agaroz jelde ayırt edilebilen 10 bp ve üzeri insersiyon/delesyon bölgeleri kullanılmıştır. Tez kapsamında 62728 InDel bölgesi elde edilmiş olmasına rağmen 10 bp'nin üzerindeki InDel sayısı 1013 olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4). Toplamda 181 delesyon ve 832 insersiyon belirlenirken, en fazla delesyon ve insersiyon Arahy 03 kromozomunda görülmüştür (Çizelge 4.3). 10 bp ve üzeri büyüklüğüne sahip insersiyon ve delesyonların Kromozom, Fiziksel pozisyon, InDel dizisi ve InDel tipi Çizelge 4.5 ve 4.6'da verilmiştir.

Çizelge 4.4. 10 bp ve üzeri büyüklüğüne sahip insersiyon ve delesyon sayıları ve genomdaki dağılımları

RefSeq	Kromozom	Delesyon sayısı	İnsersiyon sayısı	Toplam InDel
NC_037618.1	Arahy.01	10	48	58
NC_037619.1	Arahy.02	11	31	42
NC_037620.1	Arahy.03	19	55	74
NC_037621.1	Arahy.04	11	39	50
NC_037622.1	Arahy.05	9	36	45
NC_037623.1	Arahy.06	10	48	58
NC_037624.1	Arahy.07	4	34	38
NC_037625.1	Arahy.08	4	19	23
NC_037626.1	Arahy.09	8	43	51
NC_037627.1	Arahy.10	17	41	58
NC_037628.1	Arahy.11	6	54	60
NC_037629.1	Arahy.12	6	42	48
NC_037630.1	Arahy.13	2	43	45
NC_037631.1	Arahy.14	6	48	54
NC_037632.1	Arahy.15	10	50	60
NC_037633.1	Arahy.16	16	50	66
NC_037634.1	Arahy.17	11	40	51
NC_037635.1	Arahy.18	6	30	36
NC_037636.1	Arahy.19	10	42	52
NC_037637.1	Arahy.20	5	39	44
Toplam		181	832	1013

Çizelge 4.5'in Genom boyunca belirlenmiş 10 bp ve üzeri büyüklüğüne ait insersiyon (ekleme) bölgeleri

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037618.1	86229834	ACATTCCCCG	Inersiyon
NC_037618.1	76367541	TTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTC	Inersiyon
NC_037618.1	103112612	GCGGGTTGGCGGTCCACAGTCG	Inersiyon
NC_037618.1	12706285	AACACCAAACCTTAAATTGTTGC	Inersiyon
NC_037618.1	103385323	GTCTCAAACAAGAACAAAA	Inersiyon
NC_037618.1	66840428	ATCTATTACTCATGCCCTTG	Inersiyon
NC_037618.1	81963647	TGCTTCAAACCTTTAACCTG	Inersiyon
NC_037618.1	92428551	ACAAGAAAAGTAAGGAGAG	Inersiyon
NC_037618.1	11503483	CCATCGGGAACCTGAAGA	Inersiyon
NC_037618.1	99054032	CTGACTTTGCGGGCAG	Inersiyon
NC_037618.1	94128748	GAAAGCCTTCCCCACCA	Inersiyon
NC_037618.1	78848144	GGCGAAGATCGGAAGAG	Inersiyon
NC_037618.1	12725221	GGAAAAAACCGGAGAAA	Inersiyon
NC_037618.1	33587455	CCGATCTCTGATCTATA	Inersiyon
NC_037618.1	14781640	TAGGCGAAGATCGGAA	Inersiyon
NC_037618.1	33012460	TAGGCGAAGATCGGA	Inersiyon
NC_037618.1	81509948	ACGCTCTTCCGATCTT	Inersiyon
NC_037618.1	104921549	ATAGGCGAAGATCGG	Inersiyon
NC_037618.1	72662509	TCCGATCTTCCTTGA	Inersiyon
NC_037618.1	48793482	CTATTTTGTGAGACCCT	Inersiyon
NC_037618.1	108404660	CTATTTTTCATAAA	Inersiyon
NC_037618.1	65764565	TAATTTTCAATTTT	Inersiyon
NC_037618.1	94693051	ACCCCTACCATCAAGTAGC	Inersiyon
NC_037618.1	28305315	AATTTAAATAAAAG	Inersiyon
NC_037618.1	37757965	GTGACAATCACCG	Inersiyon
NC_037618.1	70231607	TATAGTAACTTCG	Inersiyon
NC_037618.1	104411416	CTGATTTGCCACG	Inersiyon
NC_037618.1	112041024	GTTAGTTATGGGT	Inersiyon
NC_037618.1	54540907	ATAGGCGAAGATC	Inersiyon
NC_037618.1	111072653	TTATTATTATTA	Inersiyon
NC_037618.1	48452080	CTATAGTAACTT	Inersiyon
NC_037618.1	9520156	TCCGATCTCG	Inersiyon
NC_037618.1	36382084	ATAGAACCAGAT	Inersiyon
NC_037618.1	5198975	CTTCCGATCTA	Inersiyon
NC_037618.1	91691783	TGGAGCGCAA	Inersiyon
NC_037618.1	99054037	TGCGGGCAGT	Inersiyon
NC_037618.1	100860046	CTTCCGATCTG	Inersiyon
NC_037618.1	3673859	AAAATTTTTC	Inersiyon
NC_037618.1	40551258	ACTAGCTCGGC	Inersiyon
NC_037618.1	98760637	CCTTTCTTCTA	Inersiyon
NC_037618.1	77248188	ATAGGCGAAGC	Inersiyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037618.1	87672203	GTGCTCTTCCG	Inersiyon
NC_037618.1	97180901	ATAGGCGAAG	Inersiyon
NC_037618.1	93642737	ATGCATGCTA	Inersiyon
NC_037618.1	81133023	TTTTTGAAA	Inersiyon
NC_037618.1	84157398	AGATCGAAAG	Inersiyon
NC_037618.1	76237369	TCCGATCTCG	Inersiyon
NC_037618.1	92655630	ACACGTCACG	Inersiyon
NC_037618.1	109311774	TCATCTTCGG	Inersiyon
NC_037618.1	41001969	TGCTCTTCCG	Inersiyon
NC_037619.1	93104466	CGAGTAAGGTCAGAAACCGCCTG	Inersiyon
NC_037619.1	61879131	ATCTGAAATTCATCCAA	Inersiyon
NC_037619.1	61879130	CTGAAATTCATCCAATCACT	Inersiyon
NC_037619.1	9031751	ACCGAAATCTTCCAA	Inersiyon
NC_037619.1	82353961	ATCACGGCGCGATGTT	Inersiyon
NC_037619.1	74099740	TCCGATCTCGCTCTAT	Inersiyon
NC_037619.1	87674445	TATAATATGAAATT	Inersiyon
NC_037619.1	6520705	CGCTCTTCCGATCTC	Inersiyon
NC_037619.1	62002484	ATAATGCTATTTTTT	Inersiyon
NC_037619.1	72118688	ACGCTCTTCCGATC	Inersiyon
NC_037619.1	8337339	AAAAACTACAAATGAAAGA	Inersiyon
NC_037619.1	79047602	CGATTTCGCTCTAT	Inersiyon
NC_037619.1	33896660	GGCGAATCGAAGT	Inersiyon
NC_037619.1	86770507	ACGCTCTTCCGAT	Inersiyon
NC_037619.1	53761730	ATAGAGCGAGATC	Inersiyon
NC_037619.1	56808293	GTTAGGTTATCCC	Inersiyon
NC_037619.1	25001531	TTCAAAACCGTC	Inersiyon
NC_037619.1	53582891	TTTTCAAAATT	Inersiyon
NC_037619.1	28794043	TACACTCTTCC	Inersiyon
NC_037619.1	41338691	CATACCTTCCAT	Inersiyon
NC_037619.1	55817642	AACGCTTTCCAG	Inersiyon
NC_037619.1	7553706	GTGCTCTTCCG	Inersiyon
NC_037619.1	41200678	AACGGCGGTGC	Inersiyon
NC_037619.1	65871591	CAAGGGGTCAA	Inersiyon
NC_037619.1	21493472	GGCATAATTTA	Inersiyon
NC_037619.1	57035990	ATCAACGGTCC	Inersiyon
NC_037619.1	78338802	CTCCAATAATC	Inersiyon
NC_037619.1	42916334	TCGGCCGAGAT	Inersiyon
NC_037619.1	48074526	AACTCTTGACA	Inersiyon
NC_037619.1	26704522	CGGAAGAGCA	Inersiyon
NC_037619.1	31864651	TTTTCTCTTT	Inersiyon
NC_037619.1	87108797	ACACGTCACG	Inersiyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037619.1	38562660	ATCGGGAGAG	Inserisyon
NC_037619.1	61485650	CGTG TAGGGA	Inserisyon
NC_037620.1	54846411	CTTCCGATCTCTGATCTATA	Inserisyon
NC_037620.1	109663769	GCGATTAGAGTGCATAT	Inserisyon
NC_037620.1	136968640	AACTCTACATGGCCCCAAA	Inserisyon
NC_037620.1	103808587	ATAGGCGAAGATCGGA	Inserisyon
NC_037620.1	72698991	AAGAACAAGTGATATCT	Inserisyon
NC_037620.1	35201265	GGCGAAGATCGGAAGAG	Inserisyon
NC_037620.1	136925687	GAGAAGAAGCAATGACG	Inserisyon
NC_037620.1	25777340	GGAAGATCGGAAGAGC	Inserisyon
NC_037620.1	110738753	TCTTAATGCCTCTTCA	Inserisyon
NC_037620.1	43141877	GAGCCAGATCGGAAGA	Inserisyon
NC_037620.1	25378830	TCTTCCGATCTCTGAT	Inserisyon
NC_037620.1	106426544	GTTCTTGTTTGAGAC	Inserisyon
NC_037620.1	137569878	CGTG TAGGGAAAG	Inserisyon
NC_037620.1	122751616	CCACAAAGGCGGCT	Inserisyon
NC_037620.1	52952606	TATGTGCATTGAAT	Inserisyon
NC_037620.1	124158372	CTGCGCTTAAGAGG	Inserisyon
NC_037620.1	8427053	AGAGCCAGATCGGA	Inserisyon
NC_037620.1	126828684	CCGAATACGTATA	Inserisyon
NC_037620.1	140149046	GTCCATCCATATT	Inserisyon
NC_037620.1	105368449	GCATAAGGTGGCC	Inserisyon
NC_037620.1	118594422	AAAGAGGACTCTT	Inserisyon
NC_037620.1	22780301	ATAGAGCGAGAT	Inserisyon
NC_037620.1	5695182	TTTTCTTTTGGT	Inserisyon
NC_037620.1	36876942	GTTCCCTCCCCT	Inserisyon
NC_037620.1	121031539	AGACCAAAGAT	Inserisyon
NC_037620.1	28078805	TGTGGGTTGAAC	Inserisyon
NC_037620.1	58891693	GTTTCGCTTGGT	Inserisyon
NC_037620.1	74732683	AGGTCTTTGGAA	Inserisyon
NC_037620.1	136122304	AGCCAGATCGGA	Inserisyon
NC_037620.1	113362439	TTTTCGATCGAA	Inserisyon
NC_037620.1	84634814	GTGTATATTTTCG	Inserisyon
NC_037620.1	125790406	AAAAAAAGGTTTC	Inserisyon
NC_037620.1	126162616	CGCTCTTCCGAT	Inserisyon
NC_037620.1	74906813	CGCTCTTCCGATC	Inserisyon
NC_037620.1	132892945	GGTTCTATTTCG	Inserisyon
NC_037620.1	43577173	GCTCTTCCGATCT	Inserisyon
NC_037620.1	27578408	TAGAGCGAGAT	Inserisyon
NC_037620.1	92866718	TAGGGAAAGA	Inserisyon
NC_037620.1	8787916	CCTTTCACAGT	Inserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037620.1	107789799	GTAACCTTCGGA	İnserisyon
NC_037620.1	50556028	GGCGGCATTCA	İnserisyon
NC_037620.1	126486725	CCCACCAAGCG	İnserisyon
NC_037620.1	93044694	TCTGGTCGGTC	İnserisyon
NC_037620.1	125790407	AAAAAAGGTTC	İnserisyon
NC_037620.1	31032329	CGCTTGGTGGG	İnserisyon
NC_037620.1	44687380	TCTTCCGATCT	İnserisyon
NC_037620.1	76736027	GATCGGAAGAG	İnserisyon
NC_037620.1	116149331	GTGCTCTTCCG	İnserisyon
NC_037620.1	126119799	GATCCTGTTC	İnserisyon
NC_037620.1	103123837	GAGATCGGA	İnserisyon
NC_037620.1	109987587	TCATCTTCAC	İnserisyon
NC_037620.1	42121649	GGGACCTCGC	İnserisyon
NC_037620.1	71282956	GTGGGAAAAA	İnserisyon
NC_037620.1	12872199	GAAAGAGTGT	İnserisyon
NC_037620.1	54416783	TCTATTGTAAC	İnserisyon
NC_037620.1	43317259	ATTCCCTGTA	İnserisyon
NC_037621.1	20696776	GAAAAAAAAAATTAAATTTC	İnserisyon
NC_037621.1	14798522	TCTCAAACAAGAACAAAACC	İnserisyon
NC_037621.1	90325044	TATATATATATATATATATA	İnserisyon
NC_037621.1	30671050	ATAGAGCCAGATCGGAA	İnserisyon
NC_037621.1	42253095	AAGCATCGGCTAACTCT	İnserisyon
NC_037621.1	2231701	AAACCGGGCCGTCGGTC	İnserisyon
NC_037621.1	67231607	TATATCATTTTGAAGC	İnserisyon
NC_037621.1	48251302	CTGAGGTAATGTCTG	İnserisyon
NC_037621.1	112971604	TTTCGTTTTTGTGGG	İnserisyon
NC_037621.1	107833579	TCATTTCTCTTGTT	İnserisyon
NC_037621.1	58976476	GGCACCACCAGCCC	İnserisyon
NC_037621.1	40666859	TCAAACAGGCATT	İnserisyon
NC_037621.1	40666856	ACAGGCGTTCCAA	İnserisyon
NC_037621.1	40666861	ACAGGCGTTCTAA	İnserisyon
NC_037621.1	54713880	TTTATTCTGTATT	İnserisyon
NC_037621.1	2727161	AAAGAAACATTCA	İnserisyon
NC_037621.1	41588613	CACTCTTCCGATC	İnserisyon
NC_037621.1	113141834	TCAATAGACAGTC	İnserisyon
NC_037621.1	64251990	TCTATCTATTTA	İnserisyon
NC_037621.1	48965944	GGTATTTGCAGA	İnserisyon
NC_037621.1	73222018	CGCTCTTCCGATC	İnserisyon
NC_037621.1	39397732	CCCAAATTTAC	İnserisyon
NC_037621.1	104100979	CACAACCTCTTGG	İnserisyon
NC_037621.1	54085839	CGCTCTTCCGAT	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037621.1	20035322	CTTTCTATGTGA	İnserisyon
NC_037621.1	80347333	CGGTGCCTCTT	İnserisyon
NC_037621.1	87853335	TCTTCCGATCT	İnserisyon
NC_037621.1	40961308	CGCTCTTCCGA	İnserisyon
NC_037621.1	106779094	GAGATCGGAAG	İnserisyon
NC_037621.1	21653670	GAATAAAGTTT	İnserisyon
NC_037621.1	114698666	AAATGGTCTGG	İnserisyon
NC_037621.1	125602997	TCTGATCTATA	İnserisyon
NC_037621.1	113542813	GGGCTAGTGGC	İnserisyon
NC_037621.1	4006265	CCCACCAAGCG	İnserisyon
NC_037621.1	58678668	ATTTCTTTTTC	İnserisyon
NC_037621.1	5319574	CACAACAACA	İnserisyon
NC_037621.1	108398263	GAAGTTTGCC	İnserisyon
NC_037621.1	79343393	ATCGGAAGAG	İnserisyon
NC_037621.1	76706896	ACTAAGTGCA	İnserisyon
NC_037621.1	73538448	ACGTCATGAT	İnserisyon
NC_037621.1	113499961	CTTGTGTTCT	İnserisyon
NC_037622.1	68900564	CGAAGTGGATTTTCTGGAGCT	İnserisyon
NC_037622.1	62864345	CGGCGCTCTTCCGATCTGC	İnserisyon
NC_037622.1	81348034	TGCCTAGACCTTATGCTT	İnserisyon
NC_037622.1	57848635	CTCTAAGTGATGTTTGGA	İnserisyon
NC_037622.1	111166636	ATTATTTTTTTATTTTTTA	İnserisyon
NC_037622.1	9980040	TCTTCCGATCTGGCTCT	İnserisyon
NC_037622.1	7618196	ATAGAGCCAGATCGGA	İnserisyon
NC_037622.1	20123114	TCCTAAAATAAACTCA	İnserisyon
NC_037622.1	98131864	CGGAACCACTGTTTCC	İnserisyon
NC_037622.1	13984598	GAGCTCATGTAGCCCA	İnserisyon
NC_037622.1	6822349	ATTTGTCTTATTTAAC	İnserisyon
NC_037622.1	21584106	CAGACAAACAGAAGA	İnserisyon
NC_037622.1	72116151	CTCTAGTAGAGGGGG	İnserisyon
NC_037622.1	96684766	TCATGGTTTATTTGA	İnserisyon
NC_037622.1	9619363	TATATATATATATATA	İnserisyon
NC_037622.1	15207460	ATTGGAAGAGCGTC	İnserisyon
NC_037622.1	18380761	GTGAATGCTACAG	İnserisyon
NC_037622.1	18473487	TTTGTGTCATATG	İnserisyon
NC_037622.1	89258035	GCGCCCCGTCTCA	İnserisyon
NC_037622.1	46751200	CTTCTTCTTCTTCT	İnserisyon
NC_037622.1	67374908	GTTGCAACGTGC	İnserisyon
NC_037622.1	77051257	ACATGATAATTT	İnserisyon
NC_037622.1	100843853	ACGCTCTTCCGA	İnserisyon
NC_037622.1	9370963	CTTCCGATCTTCG	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037622.1	89757257	CTTCCGATCTT	İnsersiyon
NC_037622.1	44705339	GAGATCGGAA	İnsersiyon
NC_037622.1	62490001	GCGAAGATCGG	İnsersiyon
NC_037622.1	6852788	GCTCTTCCGAT	İnsersiyon
NC_037622.1	7611221	TTTTTTAGTTAA	İnsersiyon
NC_037622.1	111108075	GCTCTTCCGATC	İnsersiyon
NC_037622.1	77051258	TGTGTTTAGCT	İnsersiyon
NC_037622.1	114993697	AAACAAACAT	İnsersiyon
NC_037622.1	78513121	TTTGTTCTA	İnsersiyon
NC_037622.1	21769085	CCGATCTTGG	İnsersiyon
NC_037622.1	14068532	CCCAACCGGA	İnsersiyon
NC_037622.1	24245511	ATAGAGCCAG	İnsersiyon
NC_037622.1	62201095	GAGATCGGAA	İnsersiyon
NC_037622.1	39455940	TCTCTGATCT	İnsersiyon
NC_037622.1	37744663	TTTGAAAGAG	İnsersiyon
NC_037622.1	102205176	AGGTGACTTT	İnsersiyon
NC_037623.1	100159701	ATCGAACAAGAACTTTCCAAA	İnsersiyon
NC_037623.1	90861465	GTTTTGTTCTTGTTGAGACG	İnsersiyon
NC_037623.1	75880534	AAACGTGTTTAACTGGTTC	İnsersiyon
NC_037623.1	91166037	TAGCTTAGATCGGAAGAGC	İnsersiyon
NC_037623.1	65062068	GTCTTTTGACCACGTTTC	İnsersiyon
NC_037623.1	87205995	GTTGCCTCTATCCATT	İnsersiyon
NC_037623.1	65692423	AGCCATATCTTGCTATT	İnsersiyon
NC_037623.1	4914511	CGCTCCTCCGATCTTCG	İnsersiyon
NC_037623.1	38329534	ACGCTCTTCCGATCTTC	İnsersiyon
NC_037623.1	1143698	TGATAAATCCGATGG	İnsersiyon
NC_037623.1	9419250	ACGCTCTTCCGATCT	İnsersiyon
NC_037623.1	79594993	GATGCTCAAATGG	İnsersiyon
NC_037623.1	7596035	CTTTAGGTCTTGT	İnsersiyon
NC_037623.1	26011143	GACCTTGTTCTTA	İnsersiyon
NC_037623.1	42100696	GAGATCGGAAGAG	İnsersiyon
NC_037623.1	10563703	CTCTTCCGATCT	İnsersiyon
NC_037623.1	19948813	TCACAGTTTTTT	İnsersiyon
NC_037623.1	26147523	CTCCGGAGACG	İnsersiyon
NC_037623.1	103172731	GGTTCCCGGTTG	İnsersiyon
NC_037623.1	4044754	TCTTTCATTTG	İnsersiyon
NC_037623.1	106223287	TTCTCCTGTAGC	İnsersiyon
NC_037623.1	40377175	AAAGAAGAAGAA	İnsersiyon
NC_037623.1	104146354	AAGATTGTCTAA	İnsersiyon
NC_037623.1	93008992	GAAATATTCCAA	İnsersiyon
NC_037623.1	112481160	CTTCAAAGTTTT	İnsersiyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037623.1	2597913	GCTTATCACAA	Inserisyon
NC_037623.1	92988148	ATCATCTCAG	Inserisyon
NC_037623.1	81434827	CGGTTGGACTG	Inserisyon
NC_037623.1	65215630	CCGATCTTGGT	Inserisyon
NC_037623.1	98590495	TGCTCTTCCGA	Inserisyon
NC_037623.1	11764388	CAGCAGTGACG	Inserisyon
NC_037623.1	74790953	ATTTAGTTAAGG	Inserisyon
NC_037623.1	101530294	AGATCGGAAGA	Inserisyon
NC_037623.1	101633526	ATGGAGTGTTT	Inserisyon
NC_037623.1	29676719	GTGCTCTTCCG	Inserisyon
NC_037623.1	72099946	TTCCGATCTCG	Inserisyon
NC_037623.1	77581943	TCTTCCGATCT	Inserisyon
NC_037623.1	39581410	TCAGCTTCTGT	Inserisyon
NC_037623.1	85644156	GCCCTTGAA	Inserisyon
NC_037623.1	40377168	TAACAAAAAA	Inserisyon
NC_037623.1	38926838	AACGTGTTTA	Inserisyon
NC_037623.1	34598898	CAGACAAGGT	Inserisyon
NC_037623.1	40270776	GCCTCAGAAC	Inserisyon
NC_037623.1	2221888	TTTTTTTGGA	Inserisyon
NC_037623.1	72089732	TAAGCAACAA	Inserisyon
NC_037623.1	102923668	ATTGGTTGCA	Inserisyon
NC_037623.1	62315356	GGTAGAGACC	Inserisyon
NC_037623.1	11124014	ATAGGCGAAG	Inserisyon
NC_037623.1	78701215	TCTTCCGATC	Inserisyon
NC_037623.1	72203571	ATCATAGGAG	Inserisyon
NC_037624.1	16668617	GAGATCATCGCGTGCGGCTTATC	Inserisyon
NC_037624.1	44553184	AGGTCTGACTGCACCGCTA	Inserisyon
NC_037624.1	48241332	GACGCTCTTCCGATCTCT	Inserisyon
NC_037624.1	169635	ATAGAGCCAGATCGGA	Inserisyon
NC_037624.1	44750290	GGAGGAAATCTCCACC	Inserisyon
NC_037624.1	39799189	ATAATATCTTTTTCCTA	Inserisyon
NC_037624.1	76415036	CACTCTTCCGATCTCA	Inserisyon
NC_037624.1	21853680	TTGCTTTTTGAAAGA	Inserisyon
NC_037624.1	68202755	ATCTTCTGGGCGTTG	Inserisyon
NC_037624.1	6953556	ATAGAGCGAGATC	Inserisyon
NC_037624.1	49963825	GGTTTCTTCTGAGGT	Inserisyon
NC_037624.1	41892405	CATGCCCCAAGAAAC	Inserisyon
NC_037624.1	28732464	GATGAGCGGATAAT	Inserisyon
NC_037624.1	48208306	CTCATTACCACGAC	Inserisyon
NC_037624.1	73395550	GGTGGGAGAACAAT	Inserisyon
NC_037624.1	54489191	TTTTTTTCACAGTT	Inserisyon
NC_037624.1	79043193	GTTAGGTAGTATT	Inserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037624.1	146366	AAATAATGATTCTT	İnserisyon
NC_037624.1	10274422	TACATTCGTATCG	İnserisyon
NC_037624.1	77447692	CGATCTTCCTTG	İnserisyon
NC_037624.1	30053576	ACGAATTCACCG	İnserisyon
NC_037624.1	64709091	AATCGAAACCAT	İnserisyon
NC_037624.1	35804556	CTCTGATCTATA	İnserisyon
NC_037624.1	7450147	AACCATTGGAAG	İnserisyon
NC_037624.1	26916835	TCATCACGAGA	İnserisyon
NC_037624.1	35682924	TACGGCGGTGA	İnserisyon
NC_037624.1	37396057	CTCTCCGATC	İnserisyon
NC_037624.1	72737087	ATCGGAAGAGC	İnserisyon
NC_037624.1	39092229	AGTAGTGTAG	İnserisyon
NC_037624.1	17107962	GAGATGAGGC	İnserisyon
NC_037624.1	50639260	TATATATATA	İnserisyon
NC_037624.1	31118351	ATCGGAAGAG	İnserisyon
NC_037624.1	74689655	GATCGGAAGA	İnserisyon
NC_037624.1	58377348	GGCGAAGATC	İnserisyon
NC_037625.1	5542778	AGGCTCGCTCCCTCTTTTCCAA	İnserisyon
NC_037625.1	49322625	GAGCCAGATCGGAAGAGC	İnserisyon
NC_037625.1	11419040	TAATAATAATAATAA	İnserisyon
NC_037625.1	34473475	TGTTATATTCATTTTG	İnserisyon
NC_037625.1	11313658	AACTAGAAAAACCAAA	İnserisyon
NC_037625.1	48006723	TCCGATCTGGCTCTATA	İnserisyon
NC_037625.1	44942197	GCATGAGTAGCATAG	İnserisyon
NC_037625.1	32896181	TAATAATAATAATAA	İnserisyon
NC_037625.1	33366097	GTCAACTGGGTGAAC	İnserisyon
NC_037625.1	10519474	CCACCTGTACCTACA	İnserisyon
NC_037625.1	26518546	GCATAAGAGTGTTA	İnserisyon
NC_037625.1	663432	AGAAATCAAAGTC	İnserisyon
NC_037625.1	50770875	CTTCCGATCTCTGA	İnserisyon
NC_037625.1	40951037	TTAGGCAGATCG	İnserisyon
NC_037625.1	24474446	AATGTTTTTT	İnserisyon
NC_037625.1	24478761	TAAAAAAAATAA	İnserisyon
NC_037625.1	29564733	AGTATTATCAG	İnserisyon
NC_037625.1	9752991	GGAGGGTTTA	İnserisyon
NC_037625.1	24850316	GCGTGATAGG	İnserisyon
NC_037625.1	34864280	CCGATCTACA	İnserisyon
NC_037625.1	22670177	CGATCTTCGCC	İnserisyon
NC_037626.1	53332453	CAGTTGTCAGGTGAGCACT	İnserisyon
NC_037626.1	116049231	GTTTTGTTCTTGTTGAGA	İnserisyon
NC_037626.1	85673867	ATTGATAAGTCGGGCATTT	İnserisyon
NC_037626.1	74060120	AAGAAAGACCGCGGGCCAG	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037626.1	3716144	TAATAATAATAATAATAA	İnsersiyon
NC_037626.1	109624099	CGCTCTTCCGATCTAAGC	İnsersiyon
NC_037626.1	83773562	AACATCTAAATTACATAT	İnsersiyon
NC_037626.1	115968341	AATTCCATCTCCATCCAAAC	İnsersiyon
NC_037626.1	32072604	CGCTCTTCCGACCTGGC	İnsersiyon
NC_037626.1	65292630	AGAGCCAGATCGGAAGA	İnsersiyon
NC_037626.1	118268429	TCCCTTCACCCTCAAAT	İnsersiyon
NC_037626.1	117429020	ATTAAGACAGATTTGGT	İnsersiyon
NC_037626.1	93230029	CGAGATCGGAAGAGCG	İnsersiyon
NC_037626.1	116019854	AGTTAGGACATTTAATT	İnsersiyon
NC_037626.1	40821589	TTAGTAAGAAAAAATC	İnsersiyon
NC_037626.1	2775782	CCGTGCGGCCTTCAAG	İnsersiyon
NC_037626.1	56793717	GCTCTTCCGATCTGGC	İnsersiyon
NC_037626.1	113611754	CTTCTTTCTCTTTGA	İnsersiyon
NC_037626.1	96274398	TTTTTCATAAATACA	İnsersiyon
NC_037626.1	37740370	AGAGTGTTATTTAT	İnsersiyon
NC_037626.1	102914284	GACGCTCTTCCGAT	İnsersiyon
NC_037626.1	85592367	ATGGAAATGAAAG	İnsersiyon
NC_037626.1	115564240	TGATGCAGGGGCA	İnsersiyon
NC_037626.1	95982384	ACCTCGAGGTTGA	İnsersiyon
NC_037626.1	31821497	GCCGGGTCTACG	İnsersiyon
NC_037626.1	109607620	TAATAATAATAA	İnsersiyon
NC_037626.1	18227637	CCGGTTCTGGGT	İnsersiyon
NC_037626.1	21490734	GAAAGTGGAAT	İnsersiyon
NC_037626.1	94558296	TTATTATTATTA	İnsersiyon
NC_037626.1	45426113	AGCTTCCCTCTT	İnsersiyon
NC_037626.1	26687103	AGATCGGAAG	İnsersiyon
NC_037626.1	104785945	GCTCTTCCGAT	İnsersiyon
NC_037626.1	77695225	AGCTTTCATTG	İnsersiyon
NC_037626.1	297391	GGTGCAACGGC	İnsersiyon
NC_037626.1	36692065	GTGCTCTTCCG	İnsersiyon
NC_037626.1	109607665	AATAATAATAT	İnsersiyon
NC_037626.1	92445805	AGCAATGAC	İnsersiyon
NC_037626.1	114024549	GTGACAACCTT	İnsersiyon
NC_037626.1	226051	CTTCCGATCTC	İnsersiyon
NC_037626.1	87885331	TGCTCTTCCG	İnsersiyon
NC_037626.1	107727987	GTCGTCTAAG	İnsersiyon
NC_037626.1	12309614	TGTTGGGAAT	İnsersiyon
NC_037626.1	110617164	TGCGCGGCCG	İnsersiyon
NC_037627.1	12462960	AGAAGAAGGTGGAAAAGATAACGA	İnsersiyon
NC_037627.1	26609172	AATTTAAAGTCCACAACT	İnsersiyon
NC_037627.1	36581916	TGATGGCGGCATTCAAGA	İnsersiyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037627.1	9943956	CCCAGCCCCGCGTCGCC	İnsersiyon
NC_037627.1	59595657	GAAGTGCAGCTCGCTCG	İnsersiyon
NC_037627.1	84053785	CTAATTTTTTTATTATT	İnsersiyon
NC_037627.1	116680725	CGCTCTTCCGATCTTC	İnsersiyon
NC_037627.1	34825928	TAGAGCCAGATCGGAA	İnsersiyon
NC_037627.1	27377304	GATCAGAGATCGGAAG	İnsersiyon
NC_037627.1	11403918	TTTCGTAGTTGATAA	İnsersiyon
NC_037627.1	99307388	TCCAGCTACAGGAGA	İnsersiyon
NC_037627.1	106814223	CATCTGGCCAGGCGG	İnsersiyon
NC_037627.1	90398567	ACGCTCTTCCGATCT	İnsersiyon
NC_037627.1	72042078	AGCAAATCAACCTT	İnsersiyon
NC_037627.1	102742161	TCTACTACAAGTA	İnsersiyon
NC_037627.1	8344134	CTCTTCCGATCTC	İnsersiyon
NC_037627.1	109503943	GACCTGCGTGTGA	İnsersiyon
NC_037627.1	10547299	CCGAAAAGGAGA	İnsersiyon
NC_037627.1	113742299	TATTATTGTTTT	İnsersiyon
NC_037627.1	11224313	TGTGAATGTGAA	İnsersiyon
NC_037627.1	10293108	GTCCGAAGTTAC	İnsersiyon
NC_037627.1	102121446	TATATTAGGCAA	İnsersiyon
NC_037627.1	41089774	AGTTACTTTATA	İnsersiyon
NC_037627.1	98523040	TCTTCCGATCT	İnsersiyon
NC_037627.1	77936739	GCTCTTCCGAT	İnsersiyon
NC_037627.1	4397807	GTGCTCTTCCG	İnsersiyon
NC_037627.1	658496	CACCTGAATTT	İnsersiyon
NC_037627.1	43813910	TATGGTAACTT	İnsersiyon
NC_037627.1	116559200	CTTTACCAACA	İnsersiyon
NC_037627.1	3240677	TCGGAAGAGCA	İnsersiyon
NC_037627.1	3316048	CATGCTAATGA	İnsersiyon
NC_037627.1	658493	CTTCACCTGAA	İnsersiyon
NC_037627.1	95791482	GCTTCAGCCT	İnsersiyon
NC_037627.1	86791793	AGATTTACGTA	İnsersiyon
NC_037627.1	111102985	CTTTGATCTC	İnsersiyon
NC_037627.1	104439555	AGATCGGAA	İnsersiyon
NC_037627.1	47483041	TCCAAAAATC	İnsersiyon
NC_037627.1	6310831	TATATATTAA	İnsersiyon
NC_037627.1	104466613	GATTGGGTCA	İnsersiyon
NC_037627.1	35210660	TCTCGCTGAT	İnsersiyon
NC_037627.1	57148251	TCTGGGTGTA	İnsersiyon
NC_037628.1	126948362	GGCGAGAGGCGCGGAGAAGACGGC	İnsersiyon
NC_037628.1	142242658	AAATGAGTTGATTTTGGA	İnsersiyon
NC_037628.1	90913134	AGGATCTTTTGACATTGTA	İnsersiyon
NC_037628.1	29382464	CTCCCCCTGGAAGGTTTT	İnsersiyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037628.1	124390719	CGCTCTTCCGATCTTCG	Inersiyon
NC_037628.1	41650158	TCTTCCGATCTGGCTCT	Inersiyon
NC_037628.1	79037173	CAATTTCTAAACACCT	Inersiyon
NC_037628.1	142802001	TGCAACGGTAGTTATT	Inersiyon
NC_037628.1	8519152	GGCGAAGATCGGAAG	Inersiyon
NC_037628.1	149250783	AGACTTAATGTAGAC	Inersiyon
NC_037628.1	91520842	TCGGAACCATATCCC	Inersiyon
NC_037628.1	9622276	CGAAGATCGGAAGAC	Inersiyon
NC_037628.1	122182738	CTCTTCCGATCTCTGA	Inersiyon
NC_037628.1	20784976	GGGGAAACCCGAGTT	Inersiyon
NC_037628.1	73925055	GACCCGTTTGTCTCG	Inersiyon
NC_037628.1	136590197	GATCTCTGATCTATA	Inersiyon
NC_037628.1	83404904	CCTCCGGCCCAAG	Inersiyon
NC_037628.1	74229219	CTAGGGTTACCGG	Inersiyon
NC_037628.1	3348442	TGACGCCATTTGA	Inersiyon
NC_037628.1	140522448	GTTCGACCGGTCA	Inersiyon
NC_037628.1	142457006	TCTATGGTAACTT	Inersiyon
NC_037628.1	49189139	AAAATTCATCAA	Inersiyon
NC_037628.1	55311675	GCTCTTCCGATCT	Inersiyon
NC_037628.1	106052628	GGTGTGGTCCCT	Inersiyon
NC_037628.1	145739168	CGACATGAATCTG	Inersiyon
NC_037628.1	113487791	TGAAAAAATAGC	Inersiyon
NC_037628.1	4576359	GGTTGGATGGGC	Inersiyon
NC_037628.1	42496041	TTTTTTTTTTCAC	Inersiyon
NC_037628.1	19677667	GCCACCATCAAC	Inersiyon
NC_037628.1	42541391	GAAGTTACCATA	Inersiyon
NC_037628.1	63401326	CGTCTTTTAAAC	Inersiyon
NC_037628.1	68517141	AGAGACGGAAGA	Inersiyon
NC_037628.1	115111511	CGGTTTTGAATAACC	Inersiyon
NC_037628.1	104187744	CAAAGGGCAAAA	Inersiyon
NC_037628.1	49189140	AAAATTCATCA	Inersiyon
NC_037628.1	16865769	CCAAGGGGTCA	Inersiyon
NC_037628.1	29556178	TGCAACCTTGCG	Inersiyon
NC_037628.1	67451897	GTATATGGCTA	Inersiyon
NC_037628.1	32949287	GATCGGAAGAG	Inersiyon
NC_037628.1	9981513	GACGGTTGTGG	Inersiyon
NC_037628.1	109920294	ATGCTCTTCCG	Inersiyon
NC_037628.1	34522327	TGCTCTTCCGA	Inersiyon
NC_037628.1	147334672	GAGATCGGAA	Inersiyon
NC_037628.1	49518997	GTTATCAGTTC	Inersiyon
NC_037628.1	33302984	ATCGGAAGAGC	Inersiyon
NC_037628.1	141162370	GAGAGAGAGA	Inersiyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037628.1	117645480	TTCCGATCTG	İnserisyon
NC_037628.1	129892762	TAAAGCTTTA	İnserisyon
NC_037628.1	74291571	CTGTTGCAAG	İnserisyon
NC_037628.1	13614685	GCACGGCCAT	İnserisyon
NC_037628.1	41639613	ATACACTCTT	İnserisyon
NC_037628.1	44973645	ATCGGAAGAG	İnserisyon
NC_037628.1	39464030	TCAAAAGTGA	İnserisyon
NC_037628.1	148860439	TGTGCATGAC	İnserisyon
NC_037628.1	25514232	TTCTATCTAG	İnserisyon
NC_037629.1	75579146	GAGAACTAAGTAAAAGAGT	İnserisyon
NC_037629.1	15074743	CAATAAACCACTTTCAAG	İnserisyon
NC_037629.1	90952316	TATTTATGATAAAATAGCA	İnserisyon
NC_037629.1	80890621	GTCGCTCAAGACCTTTG	İnserisyon
NC_037629.1	88620892	GTAGTCTTGAGCTGATTC	İnserisyon
NC_037629.1	79811565	GACGCTCTTCCGATCTA	İnserisyon
NC_037629.1	31840471	GCGACCGCGTCGCTGAC	İnserisyon
NC_037629.1	28827328	TCCGATCTATTGGCGA	İnserisyon
NC_037629.1	103211136	GCTTTCCAACACAACC	İnserisyon
NC_037629.1	15725452	TCTTCCGATCTCACTG	İnserisyon
NC_037629.1	25527130	GAAGTCTCACTCAAC	İnserisyon
NC_037629.1	81752201	ATAGAGCGAGATCG	İnserisyon
NC_037629.1	2233728	GATCGGATCGGATCA	İnserisyon
NC_037629.1	60636116	ATAGGCGAAGATCG	İnserisyon
NC_037629.1	16679483	GCTCCGATCTTGATC	İnserisyon
NC_037629.1	57987588	CGCTCTTCCGATCTT	İnserisyon
NC_037629.1	26002249	TTCCGTTTCAAATA	İnserisyon
NC_037629.1	113378471	CACTTATCCCTAT	İnserisyon
NC_037629.1	13594351	GGAAGCGACGGC	İnserisyon
NC_037629.1	68923162	TTGTTAATACGA	İnserisyon
NC_037629.1	32108939	GCATCAAGTAATA	İnserisyon
NC_037629.1	61680821	GTCTTCTCAATT	İnserisyon
NC_037629.1	12289587	GCAGAAAGAAG	İnserisyon
NC_037629.1	59617585	GAGATCGGAAG	İnserisyon
NC_037629.1	68506131	ACCATTTCGAA	İnserisyon
NC_037629.1	71430206	GCCGTCTCCGG	İnserisyon
NC_037629.1	90657503	GTGCTCTTCCG	İnserisyon
NC_037629.1	38110678	GAGCTTGTCGC	İnserisyon
NC_037629.1	117140660	CTGGAATTTAAC	İnserisyon
NC_037629.1	31299350	ATAGGCGAAGA	İnserisyon
NC_037629.1	90941862	CCGATCTTCGC	İnserisyon
NC_037629.1	32528116	GATCTGGCTCT	İnserisyon
NC_037629.1	111701626	CTCTTCCGATCT	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037629.1	74424055	CACTACGGGTTTG	İnserisyon
NC_037629.1	110487258	GTGCTCTTCC	İnserisyon
NC_037629.1	27674324	GCTCTTCCGA	İnserisyon
NC_037629.1	65453641	ACTTCCTCCTG	İnserisyon
NC_037629.1	49543907	TCCGATCAAT	İnserisyon
NC_037629.1	28719794	CAGTGACCCA	İnserisyon
NC_037629.1	87951305	GAGATCGGGA	İnserisyon
NC_037629.1	8872916	TCTTCCGATC	İnserisyon
NC_037629.1	18485850	GCCCACCAAG	İnserisyon
NC_037630.1	29850847	GCCCCGTCTCAAACAAGAACAAA	İnserisyon
NC_037630.1	33360954	AAGCGAGTTAACACAGAGGTCC	İnserisyon
NC_037630.1	26649438	AAACTGAACAAACCGGTGGTT	İnserisyon
NC_037630.1	6558317	ATAGCTTAGATCGGAAGAGCG	İnserisyon
NC_037630.1	4098089	AGGGTCCTTTTGGTCACACG	İnserisyon
NC_037630.1	6558043	CTCGTCATACCTTGGATGAG	İnserisyon
NC_037630.1	124010656	TTGTTCTTGTTTGAGACGGG	İnserisyon
NC_037630.1	96330099	TCTTCCGATCTTCGCCTA	İnserisyon
NC_037630.1	10847521	GACCAGCCGGTTCAATC	İnserisyon
NC_037630.1	79094847	CGACTCGCCAGAGTC	İnserisyon
NC_037630.1	7482737	GGCCCTGCCTTTTTTC	İnserisyon
NC_037630.1	25321107	TCGAGTAGTTAGTT	İnserisyon
NC_037630.1	44618112	TGATTCTAAGCCTA	İnserisyon
NC_037630.1	33468646	GCTCTTCCGATCTA	İnserisyon
NC_037630.1	45873543	TGCACTCTTGTT	İnserisyon
NC_037630.1	45873542	CGCACTCTTGTT	İnserisyon
NC_037630.1	108358021	AAGTATGTTTTTT	İnserisyon
NC_037630.1	128831077	GCATCTTGCGTAAC	İnserisyon
NC_037630.1	141026796	GACGCTCTTCCGA	İnserisyon
NC_037630.1	5540517	TCATCAGCATCA	İnserisyon
NC_037630.1	105212661	AGTTACTATAGA	İnserisyon
NC_037630.1	6548406	TATATATATATA	İnserisyon
NC_037630.1	30945969	TTGTTTCTTCTTCT	İnserisyon
NC_037630.1	58497115	GATCCAACACGA	İnserisyon
NC_037630.1	43665849	AAATGTTGACGA	İnserisyon
NC_037630.1	9897873	TATCAAGGAAG	İnserisyon
NC_037630.1	30389717	CAAATCGAAGC	İnserisyon
NC_037630.1	95112106	AAGGCTAGAGTTA	İnserisyon
NC_037630.1	55469067	ATACCATCCCG	İnserisyon
NC_037630.1	25861159	TGAGGAGGTAG	İnserisyon
NC_037630.1	77982720	TATAGGCGAAG	İnserisyon
NC_037630.1	87785995	CTGGCTCTATA	İnserisyon
NC_037630.1	125607391	AAAAGAATTCA	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037630.1	16088486	AAGTTTTTGGC	Inserisyon
NC_037630.1	76404795	AAAAAGATTT	Inserisyon
NC_037630.1	2868514	GTGCTCTTCCG	Inserisyon
NC_037630.1	137011045	TCTCTCTCTC	Inserisyon
NC_037630.1	43575220	TGGCTCTATA	Inserisyon
NC_037630.1	89638423	AGCCTGATCC	Inserisyon
NC_037630.1	59603551	GAGATCGGAA	Inserisyon
NC_037630.1	51848171	TGAAGGTAGA	Inserisyon
NC_037630.1	108271569	ATTCAATATC	Inserisyon
NC_037630.1	126271059	TTTCAAGGGC	Inserisyon
NC_037630.1	86888721	AGATCGGAAG	Inserisyon
NC_037631.1	58283900	GATACTACTCCCATATGCAGCA	Inserisyon
NC_037631.1	8913408	ATCTATGTTACCAAAGGGTGT	Inserisyon
NC_037631.1	95090609	ATTCTATTAGAAAGTCTTC	Inserisyon
NC_037631.1	120609340	CTTCCGATCTCACTGTTAT	Inserisyon
NC_037631.1	31936167	CCAAATCGGCCAAGTTT	Inserisyon
NC_037631.1	67441027	CGACGCTCTTCCGATCT	Inserisyon
NC_037631.1	76494557	ATATCACAAAAAATTC	Inserisyon
NC_037631.1	20974371	TCTTCCGATCTTCGCCT	Inserisyon
NC_037631.1	124251040	TCTTCCGATCTTCGCCT	Inserisyon
NC_037631.1	22486439	GACGAAATTTATCGAGC	Inserisyon
NC_037631.1	107567104	GACTCGACGCTGCCCTC	Inserisyon
NC_037631.1	28545118	GGTGTTCATCAGTTGC	Inserisyon
NC_037631.1	113442931	TTCCGATCTCGCTCTATA	Inserisyon
NC_037631.1	107292927	CGGCTGCGGCGGCGGG	Inserisyon
NC_037631.1	50986061	ACGCTCTTCCGATCT	Inserisyon
NC_037631.1	5422610	TATCATCTCAGATCG	Inserisyon
NC_037631.1	109950992	GTTTCTTCTGAGGTA	Inserisyon
NC_037631.1	126896334	GAGCCAGATCGGAAG	Inserisyon
NC_037631.1	132050917	ACGACCCGATGCACT	Inserisyon
NC_037631.1	97344816	TCCCGATCTCCTTG	Inserisyon
NC_037631.1	82059155	TCACGACGTGACCT	Inserisyon
NC_037631.1	137792328	AATAAAAAATATAA	Inserisyon
NC_037631.1	1260934	ATAATAAGGGAAAG	Inserisyon
NC_037631.1	100098701	CGCTCTTCCGATCT	Inserisyon
NC_037631.1	18340186	TCGTAGATTAAAGC	Inserisyon
NC_037631.1	99593602	TGTGTGTGTGTGTG	Inserisyon
NC_037631.1	8929824	CGTCCTCCGTCGC	Inserisyon
NC_037631.1	54603806	ATAAGTCGGGCAT	Inserisyon
NC_037631.1	56165564	TTGGTTCCCCCCC	Inserisyon
NC_037631.1	117845283	GCTCTTCCATCTC	Inserisyon
NC_037631.1	71386783	CGGGGGAATTGA	Inserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037631.1	86440954	TAAAAGTTTGAG	İnserisyon
NC_037631.1	10285733	ACCGAGAACCG	İnserisyon
NC_037631.1	20347077	TCTTCCGATCTC	İnserisyon
NC_037631.1	68188852	TGGTTCAATCAA	İnserisyon
NC_037631.1	39201364	CCGAACGGTTGG	İnserisyon
NC_037631.1	3677504	CATCACGAGATCG	İnserisyon
NC_037631.1	124421366	ATAATGCTATT	İnserisyon
NC_037631.1	118546475	GACTTGAATTGA	İnserisyon
NC_037631.1	53763618	GTGCTCTTCCG	İnserisyon
NC_037631.1	66742321	TTTTAGCAGAT	İnserisyon
NC_037631.1	138531217	ATATAGCTTAG	İnserisyon
NC_037631.1	22188290	TCCAGCTACAG	İnserisyon
NC_037631.1	127847385	TCTTTCCTTTT	İnserisyon
NC_037631.1	129187429	CCGATCTCCTAT	İnserisyon
NC_037631.1	108824586	AACCAAAAAA	İnserisyon
NC_037631.1	16190570	GTGATAATAG	İnserisyon
NC_037631.1	26654592	TCCGATCTCG	İnserisyon
NC_037631.1	117928868	GGATAACAGT	İnserisyon
NC_037631.1	105453638	TATAGCTTTC	İnserisyon
NC_037631.1	5939871	GCGGCCGAG	İnserisyon
NC_037631.1	61342470	ATCTGGCTCT	İnserisyon
NC_037631.1	109863392	GCCTTGGTCG	İnserisyon
NC_037632.1	149061357	TTGCCTTACAGTTGAGGGC	İnserisyon
NC_037632.1	137785961	CAAGGAAGATCGGAAGA	İnserisyon
NC_037632.1	95162316	CGCGCACGCGCCGTTG	İnserisyon
NC_037632.1	98318479	CGCGTGCGCGGAGGTG	İnserisyon
NC_037632.1	95162305	CGCACGTGCAAAGTACG	İnserisyon
NC_037632.1	95162312	AGCAAAGTACACGCATG	İnserisyon
NC_037632.1	135279673	AAAAAAAAAACTGTGGAA	İnserisyon
NC_037632.1	6582612	ATTTTCAATTTGAATTT	İnserisyon
NC_037632.1	116677896	CGACGCTCTTCCGATC	İnserisyon
NC_037632.1	73797751	AAATCTGACCGATTCTG	İnserisyon
NC_037632.1	145123164	AAATGCTCAATTGGAT	İnserisyon
NC_037632.1	160175052	TGACCAAGTTATGTAT	İnserisyon
NC_037632.1	114394954	TTTTTTTAGGTTGTG	İnserisyon
NC_037632.1	144998007	CTTCCGATCTAAGCT	İnserisyon
NC_037632.1	153595658	TGGCCCGTTCATCAT	İnserisyon
NC_037632.1	71795500	TCTTTGCATCATGTTT	İnserisyon
NC_037632.1	14862692	ATGCCTTAGTTTTTC	İnserisyon
NC_037632.1	27533584	CGCTCTTCCCATCTT	İnserisyon
NC_037632.1	142957933	CGCTCTTCCGATCT	İnserisyon
NC_037632.1	127990889	ATAGAGCCAGATC	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037632.1	140126442	TATTTACCTGATT	İnserisyon
NC_037632.1	125219371	CACACACACACAC	İnserisyon
NC_037632.1	102543903	GCCATAGAGTTTG	İnserisyon
NC_037632.1	13647392	GGTCGTATCAAGT	İnserisyon
NC_037632.1	14426320	GAGATAGGGTTGA	İnserisyon
NC_037632.1	46232149	CGAACTCGGTGCC	İnserisyon
NC_037632.1	80374511	CTTTCCCTACAC	İnserisyon
NC_037632.1	123504178	ATTTAAAATCCAA	İnserisyon
NC_037632.1	52260053	TCTATAGTAACC	İnserisyon
NC_037632.1	132360279	GCAATGTCCTAG	İnserisyon
NC_037632.1	158822102	CTCTTCCGATCT	İnserisyon
NC_037632.1	46948243	ATAGAGCCAGAT	İnserisyon
NC_037632.1	73473780	TTTAAAAATGAA	İnserisyon
NC_037632.1	13947173	GCAAAGAAATGA	İnserisyon
NC_037632.1	30377104	TACATCATTTA	İnserisyon
NC_037632.1	56274929	AGAATTCAGCA	İnserisyon
NC_037632.1	53776320	CAGCCC GTTCT	İnserisyon
NC_037632.1	48701998	TGCTCTTCCGA	İnserisyon
NC_037632.1	9914017	CACCACCGACC	İnserisyon
NC_037632.1	68514742	GTGCTCTTCCG	İnserisyon
NC_037632.1	29889511	ACGCTCTTCCG	İnserisyon
NC_037632.1	160788565	GTGGCCCGAT	İnserisyon
NC_037632.1	56277043	AAAAAACTGTGGAAAA	İnserisyon
NC_037632.1	7331823	CTCAAAATGA	İnserisyon
NC_037632.1	136073788	TCCGAAGTTA	İnserisyon
NC_037632.1	6608599	CTCTTCCGAT	İnserisyon
NC_037632.1	115770620	CGAAGTTACC	İnserisyon
NC_037632.1	26460302	CAAAAATTTG	İnserisyon
NC_037632.1	66794524	GAAGGTTTAC	İnserisyon
NC_037632.1	64297102	ACCCCTTGGC	İnserisyon
NC_037632.1	129109908	GTATGGCTGA	İnserisyon
NC_037632.1	17046590	TATATATATA	İnserisyon
NC_037632.1	160325372	TCAACGGTGG	İnserisyon
NC_037633.1	2381304	AATTCCTCCTATTTTTT	İnserisyon
NC_037633.1	137549012	AACCAGCGACGGCGTCAG	İnserisyon
NC_037633.1	104033572	GCCTTCTCGCTTGGCGAT	İnserisyon
NC_037633.1	103341359	CGTCGTCCACGCATTCG	İnserisyon
NC_037633.1	21675363	GCCAGATCGGAAGAGCG	İnserisyon
NC_037633.1	117138948	TCTTCCGATCTGGCTCT	İnserisyon
NC_037633.1	13779908	GGAACATTGGCGCCGTT	İnserisyon
NC_037633.1	49273120	CGCGTTCTTAACTGCT	İnserisyon
NC_037633.1	136420903	GAATAAAATTTATCTTA	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037633.1	6427258	TACGGCGGTGAATTC	İnserisyon
NC_037633.1	4147666	GATCTTCAAGTGATA	İnserisyon
NC_037633.1	25584269	AGGGAAAGAGTGTGT	İnserisyon
NC_037633.1	8091405	TTATTATTATTATTA	İnserisyon
NC_037633.1	146777147	TAATAATAATAATAA	İnserisyon
NC_037633.1	136900318	ACTTATTATTTGTTG	İnserisyon
NC_037633.1	11344407	ATCTGAGATGATAA	İnserisyon
NC_037633.1	112594845	GTATCATTAATAAA	İnserisyon
NC_037633.1	12621062	AAATCTCATTTGT	İnserisyon
NC_037633.1	101285444	TTTATTGGTTTCT	İnserisyon
NC_037633.1	101982497	AGAAGTGGTTGTG	İnserisyon
NC_037633.1	94232568	TTTTTATTTTGTG	İnserisyon
NC_037633.1	12827506	GCTAGTAATCGC	İnserisyon
NC_037633.1	9148121	CGCTCTTCCGAT	İnserisyon
NC_037633.1	13779258	AGCCTCCGTGC	İnserisyon
NC_037633.1	1962941	AAAAAACCGATC	İnserisyon
NC_037633.1	6079216	CGATCTGGCTCT	İnserisyon
NC_037633.1	43709305	AAGCCAAGGGGT	İnserisyon
NC_037633.1	77263136	GGACCATCTTT	İnserisyon
NC_037633.1	13378793	GAGTGTGATTA	İnserisyon
NC_037633.1	76913503	TCTTCCGATCT	İnserisyon
NC_037633.1	153158323	GTGCTCTTCCG	İnserisyon
NC_037633.1	18873781	GTGCTCTTCCG	İnserisyon
NC_037633.1	51288624	AATTTGAATCT	İnserisyon
NC_037633.1	31922904	TTCCGATCTCG	İnserisyon
NC_037633.1	152009779	AAAGATTAGGG	İnserisyon
NC_037633.1	107367788	GTTTTTTTCCC	İnserisyon
NC_037633.1	53031870	GTGCTCTTCCG	İnserisyon
NC_037633.1	89516351	TAAGTCGGGC	İnserisyon
NC_037633.1	145705887	AAAAAATAAC	İnserisyon
NC_037633.1	41361447	CCGATCGGCT	İnserisyon
NC_037633.1	63994503	TCTGAATAAT	İnserisyon
NC_037633.1	130793235	GTCGGATCTA	İnserisyon
NC_037633.1	151542101	GATATACATT	İnserisyon
NC_037633.1	55273398	AAGATAACCG	İnserisyon
NC_037633.1	128931045	GGACCGAGTG	İnserisyon
NC_037633.1	106285928	GTGTAGGGAA	İnserisyon
NC_037633.1	79158263	GATCTTGGTC	İnserisyon
NC_037633.1	107810492	CTATGTTTGA	İnserisyon
NC_037633.1	121085167	TATATATATA	İnserisyon
NC_037633.1	28550927	TCTTCCGATC	İnserisyon
NC_037633.1	51350987	ATCTCTGATC	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037633.1	123784872	GCCGGTTCCT	Inserisyon
NC_037633.1	36371785	TCTATAGTAC	Inserisyon
NC_037633.1	76888094	CTCTTCCGAT	Inserisyon
NC_037634.1	82793935	TAAGTAAAAGAGAACTAAG	Inserisyon
NC_037634.1	18981208	GATGTTGAGTGCGGTTAGTG	Inserisyon
NC_037634.1	77334697	ACGCTCTTCCGATCTCTGAT	Inserisyon
NC_037634.1	870045	ACACTCTGTCTTCCATATTA	Inserisyon
NC_037634.1	93326934	AATATTGCTTCTGTCATAT	Inserisyon
NC_037634.1	32128342	TCCGATCTGCCTAATATA	Inserisyon
NC_037634.1	120387003	TTATGCGATATTTGTAC	Inserisyon
NC_037634.1	25721653	GAGCTTCGGCACGAGCA	Inserisyon
NC_037634.1	65100454	TGTTGGTTTCCGTACCGA	Inserisyon
NC_037634.1	121362194	TCTTCCGATCTGGCTCT	Inserisyon
NC_037634.1	125872770	TTTTATATCTGAATGAA	Inserisyon
NC_037634.1	17883930	ATAGAGCGAGATCGG	Inserisyon
NC_037634.1	34273790	ACCGAGATTGCTTTA	Inserisyon
NC_037634.1	9033398	TAGGATCTTTTGACAT	Inserisyon
NC_037634.1	21219188	CGGAGGAGAAAATCTT	Inserisyon
NC_037634.1	43801819	ACGCTCTTCCGATCTG	Inserisyon
NC_037634.1	78103564	GGCGAAGATCGGAAG	Inserisyon
NC_037634.1	34883587	GGAAATAGACTGAC	Inserisyon
NC_037634.1	45830118	CTTCTTCTTCTTCTT	Inserisyon
NC_037634.1	123648898	CCGATTCGCTCTATA	Inserisyon
NC_037634.1	6628698	AAACAAATGCTCAT	Inserisyon
NC_037634.1	50003834	GGCGTGATAGGCAC	Inserisyon
NC_037634.1	130875563	TGTATAGTAACTT	Inserisyon
NC_037634.1	5331774	CGCTCTTCCGATCT	Inserisyon
NC_037634.1	3070154	CGCTCTTCCGATC	Inserisyon
NC_037634.1	36672758	TGCCCGACTTATCA	Inserisyon
NC_037634.1	133397373	GGAATACACAGAA	Inserisyon
NC_037634.1	69820395	TTCTTTTTTTTTT	Inserisyon
NC_037634.1	103388752	GATCGGAAGAC	Inserisyon
NC_037634.1	123898166	TAATAATAATAA	Inserisyon
NC_037634.1	83967280	GTGTAGGGAAAG	Inserisyon
NC_037634.1	103357352	ACCGCCACCGCC	Inserisyon
NC_037634.1	6688144	TCTCATCTTTAT	Inserisyon
NC_037634.1	69162734	TGCTCTTCCGA	Inserisyon
NC_037634.1	19716035	GAGATCGGAAG	Inserisyon
NC_037634.1	43982620	CGTGATAGGC	Inserisyon
NC_037634.1	23697796	CGGCCGTGCG	Inserisyon
NC_037634.1	96844662	GAATCAGTGA	Inserisyon
NC_037634.1	22549554	GTGACTCTAT	Inserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037634.1	131940625	CCGATGTAGA	İnserisyon
NC_037634.1	36484422	GCGGTTGCCT	İnserisyon
NC_037634.1	60111615	TCCACCGTTG	İnserisyon
NC_037635.1	133601197	TTTAGCATAAAATCGAATCGTAAT	İnserisyon
NC_037635.1	6138718	TGCATTCACTACCATGTCAG	İnserisyon
NC_037635.1	1677641	GGCTTGCAAAAATATAAGT	İnserisyon
NC_037635.1	38618651	GCTATTTTTTCATAAATAC	İnserisyon
NC_037635.1	43157310	TATCAAAGATCAAAAGCT	İnserisyon
NC_037635.1	81992334	ACAGAAAGACGTAGCTAC	İnserisyon
NC_037635.1	23266892	ACCCGGATGCCACCCGA	İnserisyon
NC_037635.1	47903016	AGTTACTATAGACCGG	İnserisyon
NC_037635.1	1286943	TACAATGGCATAAGTA	İnserisyon
NC_037635.1	65215312	ATAGGCGAAGATCGG	İnserisyon
NC_037635.1	12180849	GGCGAAGATCGGAAG	İnserisyon
NC_037635.1	39274273	TCAAGGAAGATCG	İnserisyon
NC_037635.1	37821682	CATAGGAGATCAGA	İnserisyon
NC_037635.1	105715957	GAAGATGAGGCCA	İnserisyon
NC_037635.1	12065375	GTCTTTCCTTTACA	İnserisyon
NC_037635.1	132084710	CAGTAGAGCCATC	İnserisyon
NC_037635.1	24014716	AGTGGATTTTTAT	İnserisyon
NC_037635.1	34340926	TGCCGTTCTCTAT	İnserisyon
NC_037635.1	44636014	GTGAGCCTCCAAAA	İnserisyon
NC_037635.1	56094602	TCTATAGTAACTTC	İnserisyon
NC_037635.1	84111366	ACACAAAGTTAC	İnserisyon
NC_037635.1	56086821	TTTGATCACAT	İnserisyon
NC_037635.1	12696877	TATTAGGCAGAT	İnserisyon
NC_037635.1	72020794	TTAGACCCCTA	İnserisyon
NC_037635.1	121934567	TTGATCATAA	İnserisyon
NC_037635.1	75099592	TTCAGACAGT	İnserisyon
NC_037635.1	16384217	AACCGAATCC	İnserisyon
NC_037635.1	5572423	AAAAAAAAAA	İnserisyon
NC_037635.1	12737125	GAAGTTACTA	İnserisyon
NC_037635.1	21060436	TAAGCCTCCG	İnserisyon
NC_037636.1	48103633	AACCGACGAACCAGCCGGTT	İnserisyon
NC_037636.1	86211265	GGGCCCTCCACCGCCGG	İnserisyon
NC_037636.1	141042219	CGGCACTGAACCCACCGTC	İnserisyon
NC_037636.1	146631160	CTTCTTCTTCTTCTTCTT	İnserisyon
NC_037636.1	101579039	TCCGATCTGGCTCTATA	İnserisyon
NC_037636.1	29391546	CAGGACAATGAAAA	İnserisyon
NC_037636.1	124583376	GGAGCCTGCCGAAGAT	İnserisyon
NC_037636.1	123546760	CGGTTTCGACCGACCGG	İnserisyon
NC_037636.1	103805403	AGGCGAAATCGGAAGA	İnserisyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037636.1	115164146	AGGACCGAGTGCCTAT	İnsersiyon
NC_037636.1	113529944	TGTGGTGATTGGTTG	İnsersiyon
NC_037636.1	47945842	AGATATCTAGTCCCC	İnsersiyon
NC_037636.1	55724143	TTATCCCACATATA	İnsersiyon
NC_037636.1	129977383	GTTACTATAGACCG	İnsersiyon
NC_037636.1	40756468	GCCAGATCGGAAG	İnsersiyon
NC_037636.1	20919873	GGTCACAGATCCGC	İnsersiyon
NC_037636.1	92109076	CGCTCTTCCGATCT	İnsersiyon
NC_037636.1	124877761	CGCTCTTCCGATCT	İnsersiyon
NC_037636.1	44146675	GGGAAAGAGTGTA	İnsersiyon
NC_037636.1	48073333	TGATGCAAAAATC	İnsersiyon
NC_037636.1	67759173	TCCGATCTAAGC	İnsersiyon
NC_037636.1	35684444	ATAGGCGAAGAT	İnsersiyon
NC_037636.1	65543891	TTCCGATCTCG	İnsersiyon
NC_037636.1	34974569	GATCGGAAGAG	İnsersiyon
NC_037636.1	150125813	ATGGGTAATAC	İnsersiyon
NC_037636.1	10786685	AGATCGGAAGA	İnsersiyon
NC_037636.1	26808295	TCGCTAGTAAT	İnsersiyon
NC_037636.1	128386973	TAATCTAGAGT	İnsersiyon
NC_037636.1	67870780	TCTTCCGATCT	İnsersiyon
NC_037636.1	38975353	GCTCTTCCGAT	İnsersiyon
NC_037636.1	137935316	GATCTAGACAT	İnsersiyon
NC_037636.1	116468894	TGCTCTTCCGA	İnsersiyon
NC_037636.1	144821774	ATCTTCACAC	İnsersiyon
NC_037636.1	8716750	TTGTAGGAGG	İnsersiyon
NC_037636.1	3759976	TCTCTATAGGCAATG	İnsersiyon
NC_037636.1	132505255	CGCGCTCTGT	İnsersiyon
NC_037636.1	88581507	TTCAACCGGC	İnsersiyon
NC_037636.1	128512711	CGCACGGCCG	İnsersiyon
NC_037636.1	17589032	TCCGATCTCG	İnsersiyon
NC_037636.1	54845805	GTTTTTTTCC	İnsersiyon
NC_037636.1	89015289	TGCAATTACT	İnsersiyon
NC_037636.1	144021556	ATCTGCCTAA	İnsersiyon
NC_037637.1	84485682	TAATGGCCTCATCTCGGC	İnsersiyon
NC_037637.1	117715828	CTCTTCCGATCTCGTGAT	İnsersiyon
NC_037637.1	32903933	TCCGATCTCGCTCTATA	İnsersiyon
NC_037637.1	95271558	CATATGCTTCGCCCCGCA	İnsersiyon
NC_037637.1	131943357	AACTGAGGGCAAAATTA	İnsersiyon
NC_037637.1	133998571	AGAGCGAGATCGGAAG	İnsersiyon
NC_037637.1	11800657	TCTTCCGATCTGGCTC	İnsersiyon
NC_037637.1	7272290	CGCTCTTCCGATCTC	İnsersiyon
NC_037637.1	41048442	TCTTCCGATCTCGCT	İnsersiyon

Çizelge 4.5'in Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037637.1	143034597	GGCGAAGATCGGAGA	İnserisyon
NC_037637.1	17041716	TGGTGACAATTTGGC	İnserisyon
NC_037637.1	14976763	CTGCGGGTGCCTCGG	İnserisyon
NC_037637.1	119877029	AGGATCCAGCTACA	İnserisyon
NC_037637.1	140387483	TTTCATAAATACAGAATT	İnserisyon
NC_037637.1	136453727	CTTATTTTTT	İnserisyon
NC_037637.1	61228149	TTTACAGTATTTTC	İnserisyon
NC_037637.1	25986773	ATATTAGGCAGAT	İnserisyon
NC_037637.1	1607839	GTATGTATGTAT	İnserisyon
NC_037637.1	143967278	TATTTAGAAGAT	İnserisyon
NC_037637.1	142378098	GAGATCGGAAGA	İnserisyon
NC_037637.1	117320919	CCCTCCTTTTTT	İnserisyon
NC_037637.1	119827130	AGCAATAATATA	İnserisyon
NC_037637.1	7087933	GTTCTCCTGTAG	İnserisyon
NC_037637.1	76102547	GATACAGAACAT	İnserisyon
NC_037637.1	134476510	AGTCTATAGTAA	İnserisyon
NC_037637.1	120411486	TCCGATCTCTGA	İnserisyon
NC_037637.1	83119001	GTTTGCCTCGCC	İnserisyon
NC_037637.1	78210208	AGATCGGAAGA	İnserisyon
NC_037637.1	47882481	TTCCGATCTCG	İnserisyon
NC_037637.1	114762760	GTGCTCTTCCGATCTCG	İnserisyon
NC_037637.1	22976752	GTTTTAAACCAG	İnserisyon
NC_037637.1	47536531	GAATCGCTAGTA	İnserisyon
NC_037637.1	15872239	GAGATCGGAAG	İnserisyon
NC_037637.1	129402740	TATAGTAACTT	İnserisyon
NC_037637.1	101013558	ATAGAGCCAG	İnserisyon
NC_037637.1	25986600	CAAGGGGTCA	İnserisyon
NC_037637.1	60499290	TCTTCCGATC	İnserisyon
NC_037637.1	4722716	TCTATGGTAA	İnserisyon
NC_037637.1	47729592	TTCTTACAAC	İnserisyon
NC_037637.1	130231600	ATAGGCGAAG	İnserisyon
NC_037637.1	32308053	AAACGCCAGG	İnserisyon

Çizelge 4.6. Genom boyunca belirlenmiş 8 bp ve üzeri büyüklüğüne sahip delesyon (silinme) bölgeleri

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037618.1	48541941	CACACACACA	Delesyon
NC_037618.1	67107822	TAAAAATATC	Delesyon
NC_037618.1	94019784	TAATAATAATAA	Delesyon
NC_037618.1	68147809	ATTTTTAAATTA	Delesyon
NC_037618.1	26614985	TTATATTTATAT	Delesyon
NC_037618.1	26136628	AATTTTTATTTTAA	Delesyon
NC_037618.1	86141237	TAATAATAATAATAA	Delesyon
NC_037618.1	93646015	ATATACATGCATATTA	Delesyon
NC_037618.1	89386384	TTATCTATATATCTA	Delesyon
NC_037618.1	14593070	TTGTTGTTGTTGTTGTAG	Delesyon
NC_037618.1	96639708	TAATAATAATAATAATAATAA	Delesyon
NC_037619.1	63591921	GAGAGAGAGA	Delesyon
NC_037619.1	91134798	TATATATATA	Delesyon
NC_037619.1	99828896	GAACACAAGA	Delesyon
NC_037619.1	48393380	TTTTTTCACAA	Delesyon
NC_037619.1	75074672	GTTTTTAGTAT	Delesyon
NC_037619.1	92098153	GTCTCTCGTAC	Delesyon
NC_037619.1	17148714	ATACTAAAAAC	Delesyon
NC_037619.1	61366623	TAAAAGGTAAA	Delesyon
NC_037619.1	41032670	ATGTTTTCTTCC	Delesyon
NC_037619.1	41267694	GGAAGAAAACAT	Delesyon
NC_037619.1	4451149	ATTATTATTATTA	Delesyon
NC_037619.1	92459502	TAATTTATTATTATTA	Delesyon
NC_037619.1	40437738	GGAGCAAAAGTTAGA	Delesyon
NC_037619.1	92962209	AAATAAATAAATAGTGTGTA	Delesyon
NC_037619.1	31626881	CTACTAGGGAGGTTGGAAGCTTTGCT	Delesyon
NC_037620.1	100680902	AAATGAGTAA	Delesyon
NC_037620.1	57411979	ATTTTAATTT	Delesyon
NC_037620.1	57398401	ATTTTTGGAA	Delesyon
NC_037620.1	123951725	CACACACACA	Delesyon
NC_037620.1	57391157	TTTTGGATAT	Delesyon
NC_037620.1	57396128	ATTTTTGGAA	Delesyon
NC_037620.1	45962265	ATATATATAT	Delesyon
NC_037620.1	57398066	ATTTTTGGAA	Delesyon
NC_037620.1	57398389	ATTTTTTTGGAT	Delesyon
NC_037620.1	64642470	CGACGTTTTGT	Delesyon
NC_037620.1	132866611	TTTATATTTTA	Delesyon
NC_037620.1	126591031	ATAAATACAAGT	Delesyon
NC_037620.1	57398536	TTTAATAATATAA	Delesyon
NC_037620.1	57386031	AAAATTTATTTTT	Delesyon
NC_037620.1	57386032	AATTTATTTTTTA	Delesyon

Çizelge 4.6'nın Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037620.1	8546887	GCGCTGCGCGCTGC	Delesyon
NC_037620.1	10027111	TTTAAATATACACTTA	Delesyon
NC_037620.1	49079360	TCGGTTGTCAGGCGAGCAC	Delesyon
NC_037620.1	88330207	GAATCATCATACTTAACTAGGA	Delesyon
NC_037620.1	52926201	ATGGCAGCCATGTTCTAAATGAT	Delesyon
NC_037621.1	53787838	ATTGGTGACAG	Delesyon
NC_037621.1	67764312	TTCCCCCTCT	Delesyon
NC_037621.1	12266670	TTTTCTCTC	Delesyon
NC_037621.1	20240996	TGTGAATGGA	Delesyon
NC_037621.1	27677994	ATGTTTTTAGT	Delesyon
NC_037621.1	102693338	ATAAATAAATTT	Delesyon
NC_037621.1	120838423	ATTTATATTTTT	Delesyon
NC_037621.1	42269026	GAGTTTAGAGTCT	Delesyon
NC_037621.1	41939059	CTTTATCCAAGATATCA	Delesyon
NC_037621.1	83764971	AAGACTCCGATCTTTCGG	Delesyon
NC_037621.1	79257348	TCGGTTGTCAGGCGAGCAC	Delesyon
NC_037621.1	3883456	TGGAGAGGCGCGTGAGGGAGA	Delesyon
NC_037622.1	95592469	ATAAATATGT	Delesyon
NC_037622.1	113324225	GAGAGAGAGA	Delesyon
NC_037622.1	37631659	TAAATGTAGA	Delesyon
NC_037622.1	18860058	TAAATAAATTA	Delesyon
NC_037622.1	11784488	ATCAGACCGAC	Delesyon
NC_037622.1	11647271	TTCAAGCAGACTAGT	Delesyon
NC_037622.1	113543799	TATATCACATCTCATC	Delesyon
NC_037622.1	97569602	TCATCGTTGGAGACAG	Delesyon
NC_037622.1	22082915	TCGGTTGTCAGGCGAGCAC	Delesyon
NC_037622.1	77638158	CGCCTGACAACCGAGTGCT	Delesyon
NC_037622.1	43454469	TCTCTTCTCTCTCTCTCTC	Delesyon
NC_037622.1	27759624	GTGAATGCGAGTAGTTAGTGAAG	Delesyon
NC_037623.1	109087355	TATATATATA	Delesyon
NC_037623.1	39781730	TTGTTATTAT	Delesyon
NC_037623.1	71485044	TATATATATA	Delesyon
NC_037623.1	3340673	CGCCACCCTCC	Delesyon
NC_037623.1	55703122	CTCTTTAAATT	Delesyon
NC_037623.1	55696314	CTCTTTAATTT	Delesyon
NC_037623.1	104224689	GAATCTACTGTC	Delesyon
NC_037623.1	88981752	GTTTGGTATTAGAT	Delesyon
NC_037623.1	87472605	ATGTATTAAATTTCTGA	Delesyon
NC_037623.1	92721401	TGGTTTTCCAACCTGGGG	Delesyon
NC_037623.1	41591971	ACAGACGGATTTCCGTCTG	Delesyon
NC_037623.1	76131070	GATTCTGTTGGGGAATCTAAGAGATA	Delesyon
NC_037624.1	23187576	AGGACTGGTTT	Delesyon

Çizelge 4.6'nın Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037624.1	49252780	CTCGACCTCGC	Delesyon
NC_037624.1	8673277	TAATAATAATAA	Delesyon
NC_037624.1	7437956	GAGAGAGAGAGA	Delesyon
NC_037624.1	66392648	TAAAAAATAAAAA	Delesyon
NC_037624.1	16446382	ATTTATATTACGT	Delesyon
NC_037624.1	10264625	GAGTACATATAATAGAATTATAGA	Delesyon
NC_037625.1	15741749	TATATATATA	Delesyon
NC_037625.1	3509572	TTTTGATGAAA	Delesyon
NC_037625.1	4190726	TGTTTTTAGTA	Delesyon
NC_037625.1	19817406	TTTTATGAATTT	Delesyon
NC_037625.1	44397117	TAATAATAATAA	Delesyon
NC_037625.1	26233019	AAATATAATAAT	Delesyon
NC_037625.1	25006166	CCCGTGACCTTGA	Delesyon
NC_037625.1	22678523	AATTTCAATAAAAAATT	Delesyon
NC_037625.1	2009284	TTGATTTTAATATTAAT	Delesyon
NC_037625.1	22592797	TTTTTTATTAAAAATTAAA	Delesyon
NC_037625.1	22591841	TTTTTTATTAAAAATTAAA	Delesyon
NC_037625.1	22592162	AAAATTAAATTTTTTTATT	Delesyon
NC_037625.1	22593115	TAAAAATTAAATTTTTTTAT	Delesyon
NC_037626.1	113167343	TCTATAACAA	Delesyon
NC_037626.1	18077032	TATATATATA	Delesyon
NC_037626.1	53230419	TGATATTAAAA	Delesyon
NC_037626.1	93966838	TAATAATAATAA	Delesyon
NC_037626.1	94098446	ATTTATATTTAT	Delesyon
NC_037626.1	119912662	ATTTATATTTAT	Delesyon
NC_037626.1	86783287	CAAGAGCTTTGGC	Delesyon
NC_037626.1	9984116	ATAAATATAAATATAAAT	Delesyon
NC_037626.1	2364297	TCGGGCCCGGACCGGACCT	Delesyon
NC_037627.1	6519801	AATTTATTTA	Delesyon
NC_037627.1	4624702	TATATATATA	Delesyon
NC_037627.1	103690717	CTGGGCCCTTC	Delesyon
NC_037627.1	113243482	CACTCAGAGA	Delesyon
NC_037627.1	8092855	TTTATTTATAA	Delesyon
NC_037627.1	53293247	ATGTTTTCTTCC	Delesyon
NC_037627.1	32127625	GCCAGTTCTCAT	Delesyon
NC_037627.1	58069395	TTATATTTTAAA	Delesyon
NC_037627.1	58148598	CATTTAAAATATA	Delesyon
NC_037627.1	36592017	GTGCCTCTGCAGC	Delesyon
NC_037627.1	2650046	CTCTCTCTCTCT	Delesyon
NC_037627.1	56472154	TAAATTATTTTATT	Delesyon
NC_037627.1	97196891	AAAAGTAAATAACA	Delesyon
NC_037627.1	57132622	AATAAAAAACATTC	Delesyon

Çizelge 4.6'nın Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037627.1	112052229	GTTATAAATTTTATGGT	Delesyon
NC_037627.1	57673523	TTTGTGAGGCGAGCACTCG	Delesyon
NC_037627.1	57673524	TGTCAGGCGAGCACTCGGT	Delesyon
NC_037627.1	107148603	ATACACCGAATGACAACTAA	Delesyon
NC_037628.1	77415297	GCTCCTTCGGT	Delesyon
NC_037628.1	9414373	CACACACACACA	Delesyon
NC_037628.1	17232562	TTATTATTATTA	Delesyon
NC_037628.1	18743716	AGAGAGAGAGAG	Delesyon
NC_037628.1	141162370	GAGAGAGAGAGA	Delesyon
NC_037628.1	87352650	GGGTATTATTTATG	Delesyon
NC_037628.1	149054144	TAATAATAATAATAA	Delesyon
NC_037628.1	128018924	CCGCGTGCCCCACGCGG	Delesyon
NC_037628.1	73536981	CGCGTGACCCACGCGGA	Delesyon
NC_037628.1	136670594	CTCTCTCTCTCTCTAT	Delesyon
NC_037629.1	30031899	TCTCTCTCTC	Delesyon
NC_037629.1	2338423	TATATATATA	Delesyon
NC_037629.1	7384996	GGAGTACTAG	Delesyon
NC_037629.1	104869701	CTCTCTCTCT	Delesyon
NC_037629.1	17695912	TTTATTTATAA	Delesyon
NC_037629.1	15758134	CTACTGCGACA	Delesyon
NC_037629.1	102919691	TAAATATATAATTA	Delesyon
NC_037629.1	19685113	AGGGAGCTAATGGTC	Delesyon
NC_037629.1	98815079	CTTTCTTTCTTTCTTT	Delesyon
NC_037629.1	32108926	GGAGTGAGGTCGATCCCACAG	Delesyon
NC_037630.1	125752799	AATTTATTTAT	Delesyon
NC_037630.1	126074857	CTTTTAAACCAT	Delesyon
NC_037630.1	21579210	TAAATCATGTTA	Delesyon
NC_037630.1	41317827	TAATAATAATAATAATAA	Delesyon
NC_037630.1	139116639	AGCAAGGCAGCATCGGCAT	Delesyon
NC_037630.1	15706899	GAAGAAGAAGAAGAAGAA	Delesyon
NC_037631.1	59821444	GCTCTGCTCT	Delesyon
NC_037631.1	12058189	CCTAGTCCAA	Delesyon
NC_037631.1	98954007	TGTTTCGAAAAA	Delesyon
NC_037631.1	117263517	ACCCGCCCCACCCCT	Delesyon
NC_037631.1	12542692	GATCAAAAATGTTGAGATT	Delesyon
NC_037631.1	5663881	CTCCGGCTGCGTCGTATCGGAT	Delesyon
NC_037631.1	79265945	CCCTTTCTTGCAATCATCCAAC	Delesyon
NC_037632.1	144878135	GAGAGAGAGA	Delesyon
NC_037632.1	93230997	TAAATAAATTA	Delesyon
NC_037632.1	159241970	GAAAAGTGAAA	Delesyon
NC_037632.1	137583577	TAAATAAAATA	Delesyon
NC_037632.1	119097708	TAAATTATTATA	Delesyon

Çizelge 4.6'nın Devamı

Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037632.1	134591667	GTATTTGTGCAC	Delesyon
NC_037632.1	140248134	TCATTATTTAGAT	Delesyon
NC_037632.1	154106239	AATATCATAAAAAGA	Delesyon
NC_037632.1	9282925	TGCTTCCCTTCCAGT	Delesyon
NC_037632.1	49663986	CGCGGTTCGCGTCAGCGA	Delesyon
NC_037632.1	136997172	CTTCTGGCTTAACTGGATGT	Delesyon
NC_037633.1	20022688	TTTGATTTGA	Delesyon
NC_037633.1	130035406	TCCTTTTTGT	Delesyon
NC_037633.1	130638843	TAAATAAAATA	Delesyon
NC_037633.1	40049987	TCTTTATTGTTT	Delesyon
NC_037633.1	135427754	TAGTAATTATTC	Delesyon
NC_037633.1	30009220	ATTTTTTATTTTA	Delesyon
NC_037633.1	15166259	TATTTTTATTTATA	Delesyon
NC_037633.1	145998589	TATATATATATATA	Delesyon
NC_037633.1	41993565	ATTTATATATTTGT	Delesyon
NC_037633.1	139347571	CCTTAGCACTGTGCA	Delesyon
NC_037633.1	1257424	TTATTATTATTATTA	Delesyon
NC_037633.1	102953698	TTACTTTTCTGCACT	Delesyon
NC_037633.1	27041313	GTGGAAAAAGGCCAGGCG	Delesyon
NC_037633.1	121463097	CGGGTCCGGGCCATAGTT	Delesyon
NC_037633.1	149971851	TCTCTCTCTCTCTCTC	Delesyon
NC_037633.1	141724210	CGCCCAAGCGACGCATCATTTTC	Delesyon
NC_037634.1	107109985	CAACCTGTTG	Delesyon
NC_037634.1	24032106	TCTCTCTCTC	Delesyon
NC_037634.1	21280067	AAAACCTCTCCA	Delesyon
NC_037634.1	10228452	ACCCTACCCGC	Delesyon
NC_037634.1	72553096	AGCCCGGCGGGA	Delesyon
NC_037634.1	63406732	GGCGCTCAATAC	Delesyon
NC_037634.1	85051171	TTCTTTACTGCT	Delesyon
NC_037634.1	2254967	TATATATATATA	Delesyon
NC_037634.1	21284525	CTTGAAAAATGGG	Delesyon
NC_037634.1	12451045	CCCGATGAAATCA	Delesyon
NC_037634.1	126065718	CCTATACTTTTCC	Delesyon
NC_037634.1	45830118	TTCTTCTTCTTCTTC	Delesyon
NC_037634.1	126158475	ACCAAGCTGCGATCC	Delesyon
NC_037634.1	64305219	AGTGAGTAGTGAGTAGTGAGT	Delesyon
NC_037635.1	3283677	TCTCTCTCTC	Delesyon
NC_037635.1	23164668	TTATTTATTAT	Delesyon
NC_037635.1	4754267	TATTTATCTATT	Delesyon
NC_037635.1	14143788	ATTCAGCATTCAGC	Delesyon
NC_037635.1	106433583	CATAGGTTGAGTAT	Delesyon
NC_037635.1	50497889	TAAAAAGTTCTATTTA	Delesyon

Çizelge 4.6'nın Devamı

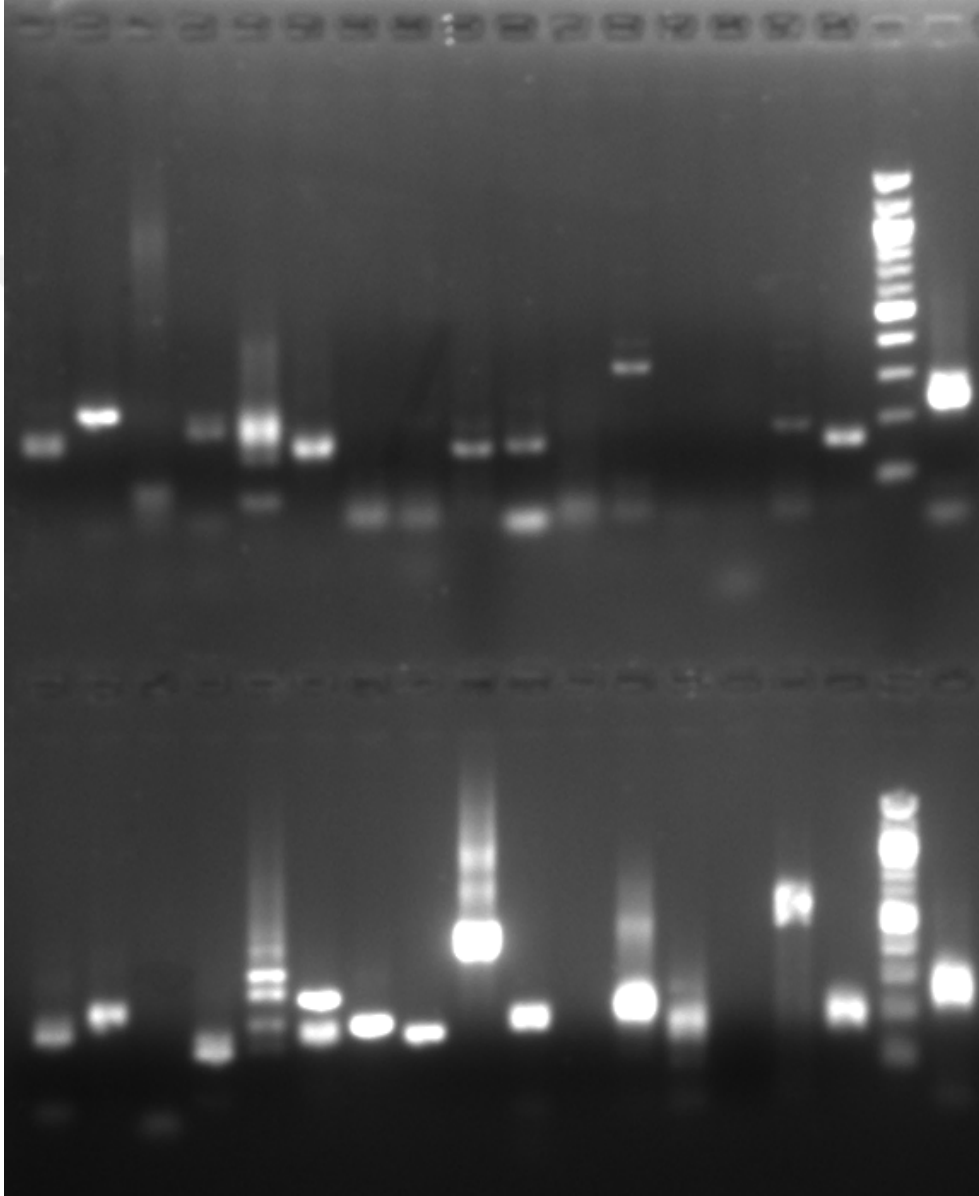
Kromozom	Fiziksel pozisyon	InDel dizisi	InDel tipi
NC_037635.1	127015562	TGCGTGCGTTCGCACACA	Delesyon
NC_037636.1	151104065	AAAAAAAAAAAA	Delesyon
NC_037636.1	156041381	TAAATTAAATA	Delesyon
NC_037636.1	113592941	CGGTTGAACCC	Delesyon
NC_037636.1	151104089	AAAAAAAAAAAAAT	Delesyon
NC_037636.1	137904981	AATAAATATACT	Delesyon
NC_037636.1	11681922	GCCACGTGGCAT	Delesyon
NC_037636.1	116246838	TAAATAAATATA	Delesyon
NC_037636.1	67587745	TATATATATATA	Delesyon
NC_037636.1	140059586	GATTTGGTCTTAT	Delesyon
NC_037636.1	150087860	TAATAATAATAATA	Delesyon
NC_037636.1	44374055	AGGGTTGATCCACG	Delesyon
NC_037636.1	9871118	ATTTATATTATAATTT	Delesyon
NC_037636.1	51765807	CGCGTACGCGTGGGTGA	Delesyon
NC_037636.1	78574083	TAAAAATTCCAAAAATA	Delesyon
NC_037637.1	9732882	CTACCGGTTT	Delesyon
NC_037637.1	34892059	TATATATATA	Delesyon
NC_037637.1	6393163	TAAATAAAATA	Delesyon
NC_037637.1	121245478	TATATATATATA	Delesyon
NC_037637.1	139665822	TATATATATATA	Delesyon
NC_037637.1	132785046	ATAAATAAATA	Delesyon
NC_037637.1	130186479	TGTCAGGGGCAACAGAGGG	Delesyon
NC_037620.1	57525022	TATTATTAAATGTT	Delesyon

Marker sayısının fazla olması nedeniyle tez kapsamında testleme için 24 InDel (15 delesyon, 9 insersiyon) seçilmiş ve her bir primer için tasarımı yapılmadan önce referans genom üzerindeki InDel bölgeleri IGB Genome Browser programında görüntülenmiştir. Daha sonra referans genomdaki dizilim dikkate alınarak Primer 3 programında (Untergasser vd. 2007) her bir InDel bölgesi için primer tasarımı yapılmıştır. Geliştirilen markerlara ait marker adı, bulunduğu kromozom, fiziksel pozisyonu, insersiyon dizisi, InDel tipi, InDel uzunluğu, forward ve reverse primerler, ürün uzunluğu ile lokus lokasyonu Çizelge 4.7.'de verilmiştir.

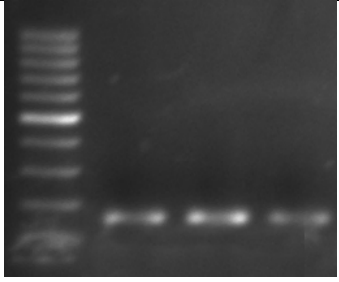
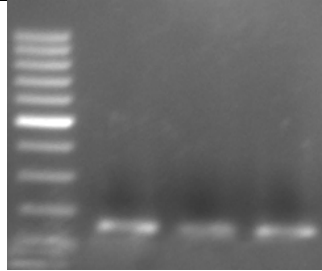
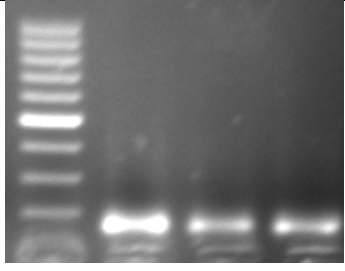
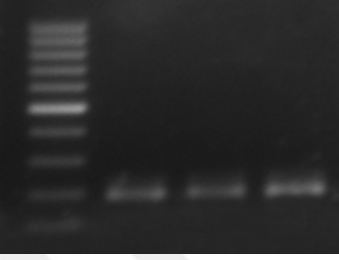
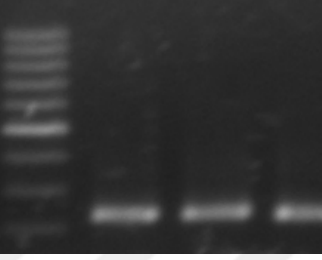
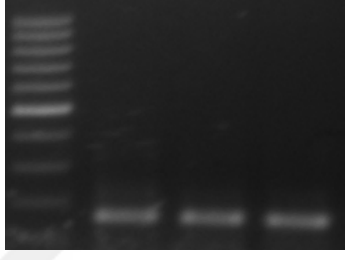
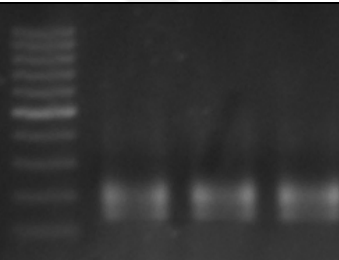
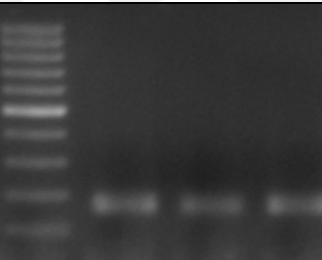
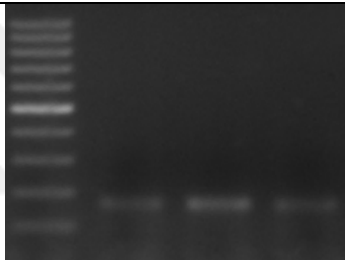
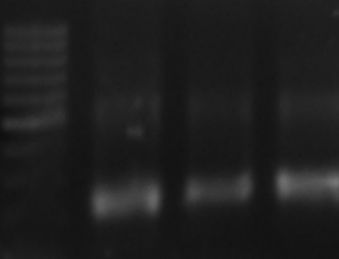
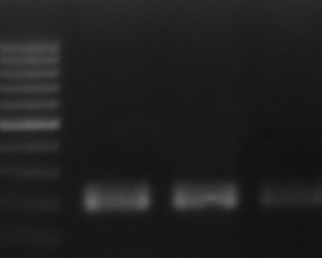
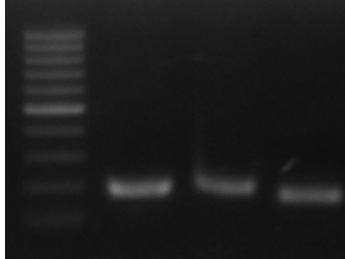
Çizelge 4.7. Geliştirilen InDel ve SSR markerleri

Marker adı	Kromozom	Fiziksel pozisyonu	Dizi bilgisi	InDel tipi	InDel uzunluğu	Forward Primer	Reverse Primer	Ürün büyüklüğü (bp)	Lokus lokasyonu
G-I-A02-535	NC_037619.1	53582891	TTTCAAAAATTT	insersiyon (ekleme)	12	TCACAATTTTCGTCCACCAAG	TTCGCAAAATAAGTTTGGAAAAA	160	Intergenic bölge
G-I-A03-132	NC_037620.1	132892945	GGTTCTATTTCG	insersiyon (ekleme)	11	TTTCGGTTTTTGAACGAGAC	AAGCAAACAAAATACTGAGAATCTAAT	152	Intergenic bölge
G-I-A06-260	NC_037623.1	26011143	GACCTTGTTCTTA	insersiyon (ekleme)	13	GGACCTTTTGCTATTGTATTTTCA	ACAGCAGAGCTCCACACCTT	181	Intergenic bölge
G-I-A12-755	NC_037629.1	75579146	TAAGTAAAAGAGAACTAAGT	insersiyon (ekleme)	21	ACATCACACAATGGCAAAGG	GGTTTTGCTTCTCCATTCC	232	Intergenic bölge
G-I-A10-124	NC_037627.1	12462960	AGAAGAAGGTGAAAAAGATAACGA	insersiyon (ekleme)	24	GGGGGAAGAAGAAGAAGAGG	CGCAGAAAGTTCTCTACCG	155	Intergenic bölge
G-I-A15-148	NC_037632.1	14862692	ATGCCTTAGTTTTTC	insersiyon (ekleme)	14	TCTGTGCAGCATCTCAGCTC	TCCACCTACTTATAATTGCTGTCA	190	EXON
G-I-A15-983	NC_037632.1	98318479	GCGTGC GCGC GAGGTGC	insersiyon (ekleme)	17	CCGGTGTGGATTTTCTAAT	AAGCATGCACAAGAGGAAGG	154	Intergenic bölge
G-I-A17-827	NC_037634.1	82793935	AGTAAAAGAGAACTAAGTA	insersiyon (ekleme)	20	CCATGGAGAAATAAGAAAAAGGA	CCGGTAGCACTACACTTCTCC	236	Intergenic bölge
G-I-A19-375	NC_037636.1	3759976	TCTCTATAGGCAATG	insersiyon (ekleme)	15	TCATTAATATTTTCAATGGTGTGAGA	GTCACCGGTGGATTGGTAAG	160	gene/mRNA
G-D-A01-861	NC_037618.1	86141237	TAATAATAATAATAA	SSR -delesyon	15	CACGCAATTGCCATAGTCAC	GGTTTCCTAAATGTTATGGGAGTTT	209	gene/mRNA
G-D-A02-920	NC_037619.1	92098153	TGTCTCTCGTACT	delesyon (silme)	13	CCAACCATGGGGTTTAGAGA	CGGAAGTGGATTTTCTGTCA	170	Intergenic bölge
G-D-A04-419	NC_037621.1	41939059	TTTATCCAAGATATCAC	delesyon (silme)	17	AAGGTGTGGAGCTCTGCTGT	CACTAGAGCCTTGATCGCTTG	201	Intergenic bölge
G-D-A05-220	NC_037622.1	22082915	TCGGTTGTCAGGCGAGCAC	delesyon (silme)	19	GAATCCAGCGATTCTTTTGC	GCCATGCCTAGACCTTGTTT	372	Intergenic bölge
G-D-A06-927	NC_037623.1	92721401	TGGTTTTCCAACCTTGGGG	delesyon (silme)	18	AAAAGGCTCACCTACACCACA	CGTCGTCATTGTGTGGTTC	163	Intergenic bölge
G-D-A07-743	NC_037624.1	7437956	GAGAGAGAGAGA	SSR - delesyon	12	AATCCACTATCCACGCCAGA	TCAAAACCAATTTCTGCTTGC	563	Intergenic bölge
G-D-A09-113	NC_037626.1	113167343	TCCAAATTAA	delesyon (silme)	10	GAACGGCGTTACTTTGCACT	AGCAAGTACCCCCAATTCCT	238	Intergenic bölge
G-D-A10-113	NC_037627.1	113243482	CACTCAGAGA	delesyon (silme)	10	CTCGAAGTTGGAGTGAGATGC	AACGTTGAACCACACAACCA	183	Intergenic bölge
G-D-A11-141	NC_037628.1	141162370	AGAGAGAGAGAG	SSR- delesyon	12	GGTTCGATCAGAGGAGTGA	AAGAAGAAGAAACACAGAAGCTG	172	EXON
G-D-A15-136	NC_037632.1	136997172	CTTCTGGCTTAACCTGGATGT	delesyon (silme)	20	CCATCTTGCAGAAAGTTGAGAA	AAAGATCCCATTGCCAGAAG	182	EXON/CDS
G-D-A15-928	NC_037632.1	9282925	TGCTTCCCTTCCAGT	delesyon (silme)	15	GGCCAATTCATGGTGTACT	AAATGAAACACATGGGAGGTG	163	Intergenic bölge
G-D-A16-139	NC_037633.1	139347571	CCTTAGCACTGTGCA	delesyon (silme)	15	TCACTCATCATTGTGTGTGAGAG	GTTGCCGTTTTTGGACATT	212	CDS
G-D-A18-127	NC_037635.1	127015562	TGCGTGC GTTCGCACACA	delesyon (silme)	18	CACGTGCAGGGACCTGTG	CCAGCCCTGACCTCTCTGTA	237	Intergenic bölge
G-D-A19-140	NC_037636.1	140059586	GATTGTGCTTAT	delesyon (silme)	13	ACGCCAAACAACAAAACGA	GGTCGAAAAACCACTAGTGTC	177	Intergenic bölge
G-D-A19-113	NC_037636.1	113592941	CGGTTGAACCC	delesyon (silme)	11	GAACAACTAGATAGTGATCAAGCATT	TTAAAGCAAGGTTGCGAAAA	170	Intergenic bölge

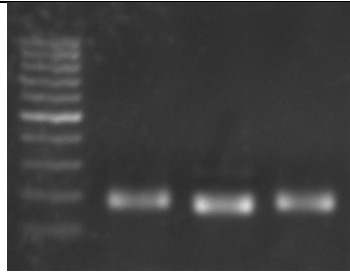
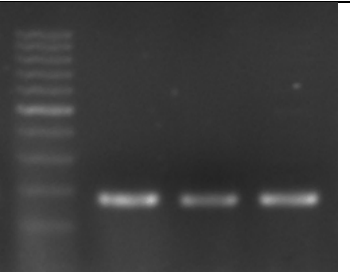
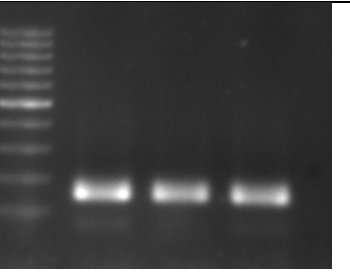
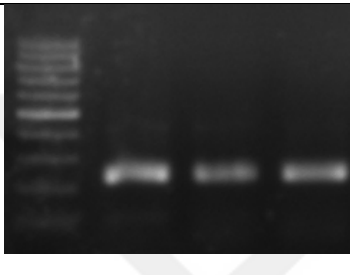
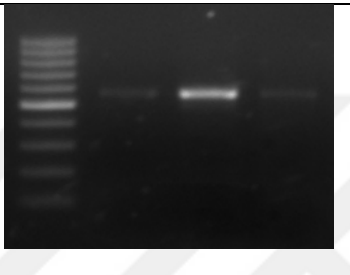
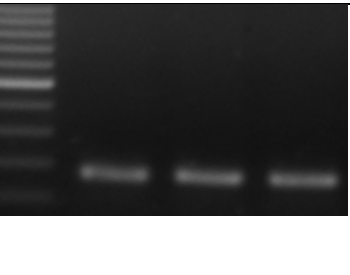
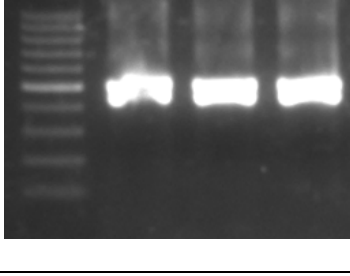
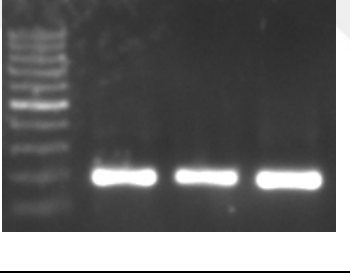
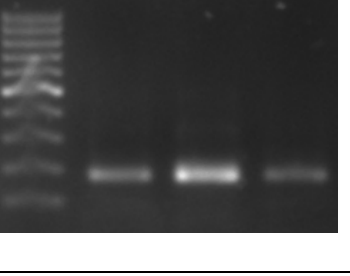
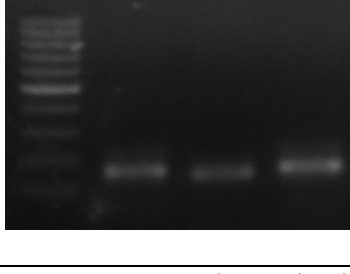
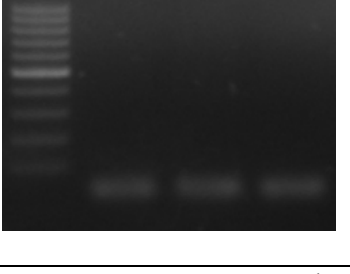
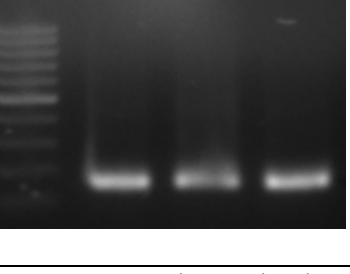
Primer 3.0 kullanılarak geliştirilen 24 primere ait oluşan bant uzunlukları 151 ve 605 bp arasında belirlenmiştir (Çizelge 4.7). Bu süreçte primerlerin optimum çalışma sıcaklığını tespit edebilmek için gradient PCR kullanılmıştır. Optimizasyon sonrası istenen markerlerin etkin çalışıp çalışmadığı kontrol edilmek üzere bulk DNA kullanılarak tekrar PCR yapılmıştır (Şekil 4.3). Elde edilen PCR ürünleri %3'lük agaroz jele yüklenmiş ve kontrolleri sağlanmıştır.



Şekil 4.1. Bulk DNA analizine ait jel görüntüsü

		
GI-A19-375 nolu marker*	GI-A17-827 nolu marker*	GI-A15-983 nolu marker*
		
GI-A15-148 nolu marker*	GI-A12-755 nolu marker*	GI-A10-124 nolu marker*
		
GI-A06-260 nolu marker*	GI-A02-535 nolu marker*	GD-A19-113 nolu marker*
		
GD-A18-127 nolu marker*	GD-A16-139 nolu marker*	GD-A15-136 nolu marker*

Şekil 4.2. Seçilmiş markerlerin bulk DNA'lar kullanılarak testlenmesine ait jel görüntüleri

		
GD-A11-141 nolu marker*	GD-A10-140 nolu marker*	GD-A10-113 nolu marker*
		
GD-A09-113 nolu marker*	GD-A07-173 nolu marker*	GD-A06-927 nolu marker*
		
GD-A05-220 nolu marker*	GD-A04-419 nolu marker*	GD-A01-861 nolu marker*
		
GD-A15-928 nolu marker*	GD-A02-920 nolu marker*	GI-A03-132 nolu marker*

Şekil 4.2'nin Devamı

Bu çalışma kapsamında, ddRADseq yöntemi ile hazırlanan genomik kütüphaneden yeni nesil dizileme yöntemleri ile elde edilen verilerinin analizinden agaroz jelde kullanıma uygun 1013 insersiyon-delesyon bölgesi belirlenmiş ve polimorfizmi kontrol etmek amacıyla 3 SSR ve 21 InDel (9 marker insersiyon ve 12 marker delesyon) olmak üzere toplamda 24 marker geliştirilmiştir. ddRADSeq, SNP'lerin belirlenmesinde ve genotiplemede genom kompleksitesini düşürerek uygun maliyetli bir dizilemeye imkan veren bir protokoldür (Peterson vd. 2012). Elde edilen sonuçlar bu protokolün yerfistiğinde marker geliştirme sürecinde oldukça iyi sonuçlar elde etmemizi sağladığını göstermektedir. Yerfistiğinde InDel marker geliştirilmesi bakımından ele alınan çalışma sayısı az olup Liu vd. (2015) tarafından ele alınan çalışmada oldukça fazla genotipler çalışılmış olmasına rağmen sadece 48 InDel marker geliştirilmiştir. Diğer taraftan Zhou vd. (2019) tarafından yürütülen çalışmada tüm genom dizileme sonrası 134,652 tek lokus SSR elde edilmiştir. Elde edilen sonuçlar genotip sayısı, dizileme yöntemi ve kütüphane oluşturma aşamaları bakımından oluşan farklılıkların ortaya çıkarılan marker sayısını etkilediğini göstermektedir.

Önemli bir yağ bitkisi olan yerfistiğinde genetik bağlantı haritalaması (Bertioli vd. 2014), genetik çeşitlilik çalışmaları (Cuc vd. 2008) ve ıslah programlarında (Liu vd. 2015) kullanılmak üzere çeşitli moleküler markerler geliştirilmiş olup literatüre bakıldığında yerfistiğinde ddRAD-Seq teknolojisi kullanılarak geliştirilen marker geliştirilme çalışması bulunmamaktadır. Farklı bitkiler dikkate alındığında çalışmamıza benzer şekilde Kızıl vd. (2020), 95 susam genotipinde ddRAD-seq yöntemi kullanarak genetik çeşitlilik çalışması gerçekleştirmişlerdir. Bu çalışmada 7477 InDel bölgesi belirlenmiştir.

Çalışmamızda en kısa insersiyon-delesyon 1 bp uzunluğunda olup 50268 adet belirlenirken 10 bp ve üzeri insersiyon-delesyon sayısı 1013 olarak hesaplanmıştır. En uzun insersiyon-delesyon 26 bp olup 2 adet belirlenmiştir. Yapılan analizlerde görülmüştür ki baz çifti uzunluğu arttıkça InDel sayısı azalmıştır. Bu sonuçlar, daha önce nohut (Jain vd. 2019) ve susam (Kızıl vd. 2020) gibi farklı bitkiler üzerinde yapılan çalışmalar ile uyumludur. Çalışmamızda, en çok InDel, Arahy 08 kromozomunda ve en az ise Arahy 07 kromozomunda gözlenmiştir. NCBI gen bankası incelendiğinde en kısa kromozom Arahy 08 olmasına rağmen en fazla InDel bölgesinin bu kromozomda olduğu gözlenmiştir. Bu durum referans genom oluşturmada birleştirme (assembly) aşamasında özellikle bu kromozom özelinde meydana gelen sıkıntılardan kaynaklanmış olabilir. İyi derecede yapılmayan assembly genotipler arasında farklılık olmasa bile referans genoma kıyasla farklılık göstermesinden dolayı koleksiyonda varyasyon göstermeyen varyantların oluşmasına neden olmuş olabilir. Dolayısıyla elde edilen bu sonuç biyoinformatik analizlerde kullanımda iyi bir referans genomun ne kadar önemli olduğunu ortaya koymaktadır.

Yerfistiği referans genomundaki GFF (generic feature format) verileri kullanılarak geliştirdiğimiz 24 markerin gen ya da genler arasındaki bir bölgede yer almadığı araştırılmış olup InDel'lerin en yüksek oranda intergenik (%79,1) ve en az oranda ise CDS (coding sequeunce-gen kodlayan dizi) (%8,33) bölgesinde olduğu belirlenmiştir. Bu oranlar Kim vd. (2017) ve Zhang vd. (2022)'nin çalışmaları ile benzer düzeyde olarak belirlenmiştir. Dolayısıyla gen bölgelerinde kullanılabilir markerler bu çalışma ile ortaya konmuştur.

6. SONUÇLAR

Yerfıstığı ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere yeni moleküler markerlerin geliştirilmesi bu çalışmaların daha efektif olmaları açısından oldukça kıymetlidir. Bu noktadan yola çıkarak ele alınan bu tez çalışmasında dört ayrı kıtadan ve 9 farklı ülkeden 25 yerfıstığı genotipi ddRAD-Seq ile dizilenmiş ve analiz sonrası toplam 3.69 gb'lık bir veri elde edilmiştir.

Filtreleme öncesi toplam okuma değeri yaklaşık 70.37 M olup düşük kaliteli okumaların filtrelenmesi sonrasında yaklaşık 65.81 M olarak belirlenmiştir.

Biyoinformatik analizler sonrası tüm varyantlar tanımlanmış ve referans genoma göre 1 veya daha fazla bp büyüklüğünde 62728 InDel bölgesi bulunurken, 35140 tanesini delesyon bölgesi ve 27588 tanesini insersiyon bölgesi oluşturmuştur.

En çok InDel, Arahy 08 kromozomunda ve en az Arahy 07 kromozomunda gözlenmiştir. Ek olarak, en yüksek delesyon ve insersiyon, Arahy 08 kromozomunda gözlenmiştir.

Çalışmamızda 10 bp'nin üzerinde 1013 InDel bölgesi belirlenmiş olup, 1 bp'nin üzerinde toplam sayı 50258 olarak hesaplanmıştır. 181 delesyon ve 832 insersiyon yeri belirlenirken, en fazla delesyon Arahy 03 kromozomunda, en fazla delesyon Arahy 03 kromozomunda görülmüştür.

En düşük delesyon Arahy 08 kromozomunda, en az delesyon ise Arahy 07 kromozomunda tespit edilmiştir.

10 bp ve üzeri büyüklükteki delesyon ve insersiyon bölgeleri dikkate alınarak 24 primer çifti başarıyla tasarlanmış ve agaroz jelde büyüklükleri 150 ila 650 bp arasında değişen ürünle elde edilmiştir.

7. KAYNAKLAR

- Adinya, I.B., Enun, E.E. and Ijoma, J.U. 2010. Exploring profitability potentials in groundnut (*arachis hypogaea*) production through agroforestry practices: a case study in nigeria. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 20: 123-131.
- Ademiluyi, Y.S., Oyelade, O.A., James, D. and Ozumba, I.C. 2011. Performance evaluation of a tractor drawn groundnut digger/shaker for agricultural productivity. "In Tillage for Agriculture Productivity and Environmental Sustainability" Conference, 21-23.
- Akhtar, S., Khalid, N., Ahmed, I., Shahzad, A., Suleria, HAR. 2014. Physicochemical characteristics, functional properties, and nutritional benefits of peanut oil: a review. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, 54: 1562–1575.
- Arya, S.S., Salve, A.R. and Chauhan, S. 2016. Peanuts as functional food: a review. *Journal of food science and technology*, 53: 31-41.
- Asif, M., Rahman, M., Mirza, J.I. and Zafar, Y. 2008. High resolution metaphor agarose gel electrophoresis for genotyping with microsatellite markers. *Pak. J. Agri. Sci*, 45: 75-79.
- Aşık, F.F., Yıldız, R. And Arıoğlu, H.H. 2018. Osmaniye Koşullarına Uygun Yeni Yer fıstığı Çeşitleri İle Bunların Önemli Tarımsal ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarım ve Doğa Dergisi*, 21: 825-836.
- Bertioli, D.J., Ozias-Akins, P., Chu, Y., Dantas, K.M., Santos, S.P., Gouvea, E., Guimarães, P.M., Leal-Bertioli, S.C., Knapp, S.J. and Moretzsohn, M.C. 2014. The use of SNP markers for linkage mapping in diploid and tetraploid peanuts. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 4: 89-96.
- Cuc, L.M., Mace, E.S., Crouch, J.H., Quang, V.D., Long, T.D. and Varshney, R.K. 2008. Isolation and characterization of novel microsatellite markers and their application for diversity assessment in cultivated groundnut (*Arachis hypogaea*). *BMC plant biology*, 8: 1-11.
- Doyle, J.J. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13–15.
- Ferguson, M.E., Burow, M.D., Schulze, S.R., Bramel, P.J., Paterson, A.H., Kresovich, S. and Mitchell, S. 2004. Microsatellite identification and characterization in peanut (*A. hypogaea* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 108: 1064-1070.
- Filiz, E. and İbrahim, K.O.Ç. 2011. Bitki biyoteknolojisinde moleküler markörler. *Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, Sayı: 2.
- Fraser, G.E., Sabate, J., Beeson, W.L. and Strahan, T.M. 1992. A possible protective effect of nut consumption on risk of coronary heart disease: the Adventist Health Study. *Archives of Internal medicine*, 152: 1416-1424.
- Freese, N.H., Norris, D.C. and Loraine, A.E. 2016. Integrated genome browser: visual analytics platform for genomics. *Bioinformatics*, 32: 2089-2095.
- Guo, B., Chen, X., Hong, Y., Liang, X., Dang, P., Brennen, T., Holbrook, C. and Culbreath, A. 2009. Analysis of gene expression profiles in leaf tissues of

- cultivated peanuts and development of EST-SSR markers and gene discovery. *International Journal of Plant Genomics*.
- Hopkins, M.S., Casa, A.M., Wang, T., Mitchell, S.E., Dean, R.E., Kochert, G.D. and Kresovich, S. 1999. Discovery and characterization of polymorphic simple sequence repeats (SSRs) in peanut. *Crop science*, 39: 1243-1247.
- Jain, A., Roorkiwal, M., Kale, S., Garg, V., Yadala, R. and Varshney, R.K. 2019. InDel markers: An extended marker resource for molecular breeding in chickpea. *PLoS One*, 14: e0213999.
- Janila, P., Pandey, M.K., Shasidhar, Y., Variath, M.T., Sriswathi, M., Khera, P., Manohar, S.S., Nagesh, P., Vishwakarma, M.K., Mishra, G.P. and Radhakrishnan, T. 2016. Molecular breeding for introgression of fatty acid desaturase mutant alleles (ahFAD2A and ahFAD2B) enhances oil quality in high and low oil containing peanut genotypes. *Plant Science*, 242: 203-213.
- Joshi, S.P., Gupta, V.S., Aggarwal, R.K., Ranjekar, P.K. and Brar, D.S. 2000. Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. *Theoretical and Applied Genetics*, 100: 1311-1320.
- Kim, K.S., Lee, D., Bae, S.B., Kim, Y.C., Choi, I.S., Kim, S.T., Lee, T.H. and Jun, T.H. 2017. Development of SNP-Based Molecular Markers by Re-Sequencing Strategy in Peanut. *Plant Breeding and Biotechnology*, 5: 325-333.
- Kizil, S., Basak, M., Guden, B., Tosun, H.S., Uzun, B. and Yol, E. 2020. Genome-wide discovery of InDel markers in sesame (*Sesamum indicum* L.) using ddRADSeq. *Plants*, 9: 1262.
- Kochert, G., Stalker, H.T., Gimenes, M., Galgaro, L., Lopes, C.R. and Moore, K. 1996. RFLP and cytogenetic evidence on the origin and evolution of allotetraploid domesticated peanut, *Arachis hypogaea* (Leguminosae). *American Journal of Botany*, 83: 1282-1291.
- Krapovickas, A. and Gregory, W.C. 1994. TAXONOMIA DEL GENERO" ARACHIS (LEGUMINOSAE)". Bonplandia, pp. 1-186.
- Kris-Etherton, P.M., Pearson, T.A., Wan, Y., Hargrove, R.L., Moriarty, K., Fishell, V. and Etherton, T.D. 1999. High-monounsaturated fatty acid diets lower both plasma cholesterol and triacylglycerol concentrations. *The American journal of clinical nutrition*, 70: 1009-1015.
- Liu, L., Dang, P.M. and Chen, C.Y. 2015. Development and utilization of InDel markers to identify peanut (*Arachis hypogaea*) disease resistance. *Frontiers in Plant Science*, 6: 988.
- Lopez, Y., Nadaf, H.L., Smith, O.D., Connell, J.P., Reddy, A.S. and Fritz, A.K. 2000. Isolation and characterization of the Delta12-fatty acid desaturase in peanut (*Arachis hypogaea* L.) and search for polymorphisms for the high oleate trait in Spanish market-type lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 101: 1131-1138..
- Lovett, J.K., Coull, A.J. and Rothwell, P.M. 2004. Early risk of recurrence by subtype of ischemic stroke in population-based incidence studies. *Neurology*, 62: 569-573.

- Luo, H., Xu, Z., Li, Z., Li, X., Lv, J., Ren, X., Huang, L., Zhou, X., Chen, Y., Yu, J. and Chen, W. 2017. Development of SSR markers and identification of major quantitative trait loci controlling shelling percentage in cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 130: 1635-1648.
- Ma, J., Zhao, Y., Chen, H., Fu, C., Zhu, L., Zhou, X., Xia, H., Hou, L., Li, G., Zhuang, W. and Wang, X. 2020. Genome-wide development of polymorphic microsatellite markers and their application in peanut breeding program. *Electronic Journal of Biotechnology*, 44: 25-32.
- Mace, E.S., Phong, D.T., Upadhyaya, H.D., Chandra, S. and Crouch, J.H. 2006. SSR analysis of cultivated groundnut (*Arachis hypogaea* L.) germplasm resistant to rust and late leaf spot diseases. *Euphytica*, 152: 317-330.
- Moretzsohn, M.C., Gouvea, E.G., Inglis, P.W., Leal-Bertioli, S.C., Valls, J.F. and Bertioli, D.J. 2013. A study of the relationships of cultivated peanut (*Arachis hypogaea*) and its most closely related wild species using intron sequences and microsatellite markers. *Annals of botany*, 111: 113-126.
- Naito, Y., Suzuki, S., Iwata, Y. and Kuboyama, T. 2008. Genetic diversity and relationship analysis of peanut germplasm using SSR markers. *Breeding Science*, 58: 293-300.
- Ncube Kanyika, B.T., Lungu, D., Mweetwa, A.M., Kaimoyo, E., Njung'e, V.M., Monyo, E.S., Siambi, M., He, G., Prakash, C.S., Zhao, Y. and de Villiers, S.M. 2015. Identification of groundnut (*Arachis hypogaea*) SSR markers suitable for multiple resistance traits QTL mapping in African germplasm. *Electronic Journal of Biotechnology*, 18: 61-67.
- Nigam, S.N. 2014. Groundnut at a glance, pp. 121.
- Nursima, K.A. 2009. Profitability of intercropping corn with mungbean and peanut. *USM R & D J*, 17: 65-70.
- Osorio, C.E., Udall, J.A., Salvo-Garrido, H. and Maureira-Butler, I.J. 2018. Development and characterization of InDel markers for *Lupinus luteus* L.(*Fabaceae*) and cross-species amplification in other Lupin species. *Electronic Journal of Biotechnology*, 31: 44-47.
- Oteng-Frimpong, R., Sriswathi, M., Ntare, B.R. and Dakor, F.D. 2015. Assessing the genetic diversity of 48 groundnut (*Arachis hypogaea* L.) genotypes in the Guinea savanna agro-ecology of Ghana, using microsatellite-based markers. *African Journal of Biotechnology*, 14: 2485-2485.
- Musa, Ö.M. 2010. Some nutritional characteristics of kernel and oil of peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Journal of oleo science*, 59: 1-5.
- Ozcan, M.M., Endes, Z. and Er, F. 2010. Physical and chemical properties of some seed and kernel oils. *Asian Journal of Chemistry*, 22: 6531-6536.
- Pandey, M.K., Monyo, E., Ozias-Akins, P., Liang, X., Guimarães, P., Nigam, S.N., Upadhyaya, H.D., Janila, P., Zhang, X., Guo, B. and Cook, D.R. 2012. Advances in *Arachis* genomics for peanut improvement. *Biotechnology Advances*, 30: 639-651.

- Peng, Z., Gallo, M., Tillman, B.L., Rowland, D. and Wang, J. 2016. Molecular marker development from transcript sequences and germplasm evaluation for cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Molecular Genetics and Genomics*, 291: 363-381.
- Peterson, B.K., Weber, J.N., Kay, E.H., Fisher, H.S. and Hoekstra, H.E. 2012. Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PloS one*, 7: e37135.
- Ren, X., Jiang, H., Yan, Z., Chen, Y., Zhou, X., Huang, L., Lei, Y., Huang, J., Yan, L., Qi, Y. and Wei, W. 2014. Genetic diversity and population structure of the major peanut (*Arachis hypogaea* L.) cultivars grown in China by SSR markers. *PLoS One*, 9: e88091.
- Settaluri, V.S., Kandala, C.V.K., Puppala, N. and Sundaram, J. 2012. Peanuts and their nutritional aspects—a review.
- Shu-bo, W.A.N., 2009. Opportunities facing peanut industry in China and strategies for its science and technology development. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 11: 7.
- Song, J., Wang, Y., Liu, C. and Li, D. 2015. Effect of exogenous spermine on quality and sucrose metabolism of vegetable soya bean (*G. lycine max* L.) during cold storage. *International Journal of Food Science & Technology*, 50: 1697-1703.
- Stalker, H.T. 2017. Utilizing wild species for peanut improvement. *Crop Science*, 57: 1102-1120.
- Stephens, A.M., Dean, L.L., Davis, J.P., Osborne, J.A. and Sanders, T.H. 2010. Peanuts, peanut oil, and fat free peanut flour reduced cardiovascular disease risk factors and the development of atherosclerosis in Syrian golden hamsters. *Journal of food science*, 75: H116-H122.
- Şahin, Z. And Aydoğdu, M.H. 2021. Türkiye’de son dönemlerde yer fıstığı üretim ve tüketiminin trend analizi. *Proceedings book*, p. 49.
- Tang, R., Gao, G., He, L., Han, Z., Shan, S., Zhong, R., Zhou, C., Jiang, J., Li, Y. and Zhuang, W. 2007. Genetic diversity in cultivated groundnut based on SSR markers. *Journal of Genetics and Genomics*, 34: 449-459.
- Uçak, A.B., Çil, A.N., Tüysüz, M.D., Şahin, H. And Şarlı, E. 2017. Su Stresine Toleranslı Yer Fıstığı (*Arachis hypogaea*) Hatlarının Belirlenmesi. *KSÜ Doğa Bilimleri Dergisi*, 20: 246-251.
- Untergasser, A., Nijveen, H., Rao, X., Bisseling, T., Geurts, R., Leunissen, J.A.M., Van Ooijen, J.W. 2011. Multipoint Maximum Likelihood Mapping in a Full-sib Family of an Outbreeding Species. *Genetics Research*, 93: 343-349.
- Varshney, R.K., Gowda, M.V.C., Radhakrishnan, T., Pandey, M.K., Gautami, B., Sujay, V., Koppolu, R., Senthilvel, S., Vadez, V., Nigam, S.N. and Upadhyaya, H.D. 2010. Development and application of genomic resources for molecular breeding in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). In *Proc: The 3rd International Conference on plant molecular breeding (ICPMB)*.
- Varshney, R.K., Hoisington, D.A. and Tyagi, A.K. 2006. Advances in cereal genomics and applications in crop breeding. *Trends in biotechnology*, 24: 490-499.

- Wang, X., Xu, P., Yin, L., Ren, Y., Li, S., Shi, Y., Alcock, T.D., Xiong, Q., Qian, W., Chi, X. and Pandey, M.K. 2018. Genomic and transcriptomic analysis identified gene clusters and candidate genes for oil content in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Plant molecular biology reporter*, 36: 518-529.
- Wei, L., Miao, H., Li, C., Duan, Y., Niu, J., Zhang, T., Zhao, Q. and Zhang, H. 2014. Development of SNP and InDel markers via de novo transcriptome assembly in *Sesamum indicum* L. *Molecular breeding*, 34: 2205-2217.
- Wei, X., Zhu, X., Yu, J., Wang, L., Zhang, Y., Li, D., Zhou, R. and Zhang, X. 2016. Identification of sesame genomic variations from genome comparison of landrace and variety. *Frontiers in plant science*, 7: 1169.
- Weiss, A., Van Crowder, L. and Bernardi, M. 2000. Communicating agrometeorological information to farming communities. *Agricultural and forest Meteorology*, 103: 185-196.
- Wu, D., Jospin, G. and Eisen, J.A. 2013. Systematic identification of gene families for use as “markers” for phylogenetic and phylogeny-driven ecological studies of bacteria and archaea and their major subgroups. *PloS one*, 8: e77033.
- Wu, K., Yang, M., Liu, H., Tao, Y., Mei, J. and Zhao, Y. 2014. Genetic analysis and molecular characterization of Chinese sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars using Insertion-Deletion (InDel) and Simple Sequence Repeat (SSR) markers. *BMC genetics*, 15: 1-15.
- Yamaki, S., Ohyanagi, H., Yamasaki, M., Eiguchi, M., Miyabayashi, T., Kubo, T., Kurata, N. and Nonomura, K.I. 2013. Development of INDEL markers to discriminate all genome types rapidly in the genus *Oryza*. *Breeding science*, 63: 246-254.
- Yang, S.W., Cho, S.H., Kwon, H.S., Sohn, I.S. and Hwang, H.S. 2014. Significance of the platelet distribution width as a severity marker for the development of preeclampsia. *European Journal of Obstetrics & Gynecology and Reproductive Biology*, 175: 107-111.
- Yılmaz, M., Şahin, C.B., Yıldız, D., Demir, G., Yıldız, R. and İşler, N. Dünyada ve Türkiye’de yer fıstığı (*Arachis hypogaea*) üretiminin genel durumu, önemli sorunları ve çözüm önerileri. *Muş Alparslan University Journal of Agriculture and Nature*, 2: 8-17.
- Yuan, M., Gong, L., Meng, R., Li, S., Dang, P., Guo, B. and He, G. 2010. Development of trinucleotide (GGC) n SSR markers in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Electronic Journal of Biotechnology*, 13: 5-6.
- Zhang, J., Liang, S., Duan, J., Wang, J., Chen, S., Cheng, Z., Zhang, Q., Liang, X. and Li, Y. 2012. De novo assembly and characterisation of the transcriptome during seed development, and generation of genic-SSR markers in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *BMC genomics*, 13: 1-6.
- Zhang, K., Yuan, M., Xia, H., He, L., Ma, J., Wang, M., Zhao, H., Hou, L., Zhao, S., Li, P. and Tian, R. 2022. BSA-seq and genetic mapping reveals AhRt2 as a candidate gene responsible for red testa of peanut. *Theoretical and Applied Genetics*, pp.1-12.

- Zhao, Y., Prakash, C.S. and He, G. 2012. Characterization and compilation of polymorphic simple sequence repeat (SSR) markers of peanut from public database. *BMC research notes*, 5: 1-7.
- Zhou, X., Xia, Y., Ren, X., Chen, Y., Huang, L., Huang, S., Liao, B., Lei, Y., Yan, L. and Jiang, H. 2014. Construction of a SNP-based genetic linkage map in cultivated peanut based on large scale marker development using next-generation double-digest restriction-site-associated DNA sequencing (ddRADseq). *BMC genomics*, 15: 1-14.



8. EKLER

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1:	Primer_F		
Sequence:	tcacaatttcgtccaccaag		
Start: 5	Length: 20 bp	Tm: 59.5 °C	GC: 45.0 % ANY: 4.0 SELF: 2.0
☒ Right Primer 1:	Primer_R		
Sequence:	atcgcaataaagttggaaaaa		
Start: 164	Length: 23 bp	Tm: 60.0 °C	GC: 26.1 % ANY: 6.0 SELF: 2.0
Product Size: 160 bp	Pair Any: 4.0	Pair End: 0.0	
Send to Primer3Manager Reset Form			
1	aggatc	cacaa	tttcgtccac caagtttttg ggcgcattgc cggggattgt
51	tcgagtatgg	acaactgacg	gttctttcttg ttgtcagat tgggtaattt
101	tcttttcaaa	aattttttca	aaatttttct tttcttttc a
151	actttatttg	cgaaaaaatt	aataaaaatc caaaaaaat t
☐ Select all Primers			

G-I-A02-535 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1:	Primer_F		
Sequence:	TTTCGGTTTTGGAACGAGAC		
Start: 30	Length: 20 bp	Tm: 60.1 °C	GC: 45.0 % ANY: 3.0 SELF: 1.0
☒ Right Primer 1:	Primer_R		
Sequence:	AAGCAAACAAATACTGAGAATCTAAT		
Start: 181	Length: 27 bp	Tm: 57.4 °C	GC: 25.9 % ANY: 5.0 SELF: 3.0
Product Size: 152 bp	Pair Any: 5.0	Pair End: 1.0	
Send to Primer3Manager Reset Form			
1	ttttaatttc	tcatCTGTTA	ATTTCGGTGT TTCGGTTTG GAACGAGACT
51	GCTATGTTAG	AGGTTTAAAT	TTTGAGGATT TTTATGTGAC TATATATCTT
101	TTGCGATTGT	GTTTTGTTCT	GCCCTACGAA TTAATGGTTT GTTGAGGTTA
151	GCTTATTAGA	TTCTCAGTAT	TTTGTTTGCT TAATATTATA TTTGGGTGCT
201	ATGGAATA		
☐ Select all Primers			

G-I-A03-132 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help		
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code		
< Back					
Pair 1:					
☒ Left Primer 1:	Primer_F				
Sequence:	ggaccttttgctattgtatttca				
Start: 12	Length: 24 bp	Tm: 58.7 °C	GC: 33.3 % ANY: 3.0 SELF: 2.0		
☒ Right Primer 1:	Primer_R				
Sequence:	acagcagagctccacacctt				
Start: 192	Length: 20 bp	Tm: 60.1 °C	GC: 55.0 % ANY: 6.0 SELF: 0.0		
Product Size: 181 bp	Pair Any: 5.0		Pair End: 1.0		
Send to Primer3Manager Reset Form					
1	ctctataagt	aggacctttt	gctattgtat	tttcatcttt	tgatcacttg
51	aatcttttga	tcactttaga	tccttagatc	atcttttgac	gtctagtctt
101	tagatcatgg	gggctggcct	ctcgccatg	cctatgtatt	ttcaacgggtg
151	gagtttctac	acaccataga	ttaaggtgtg	gagctctgct	gtacctcgag
201	ta				
☐ Select all Primers					

G-I-A06-260 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help		
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code		
< Back					
Pair 1:					
☒ Left Primer 1:	Primer_F				
Sequence:	acatcacacaaTGGCAAAGG				
Start: 10	Length: 20 bp	Tm: 59.4 °C	GC: 45.0 % ANY: 3.0 SELF: 0.0		
☒ Right Primer 1:	Primer_R				
Sequence:	GGTTTGGCTTCTTCCATTCC				
Start: 241	Length: 20 bp	Tm: 58.6 °C	GC: 45.0 % ANY: 2.0 SELF: 0.0		
Product Size: 232 bp	Pair Any: 6.0		Pair End: 3.0		
Send to Primer3Manager Reset Form					
1	atcacataaa	catcacacaa	TGGCAAAGG	TAGTGAAAGA	ATGACAAAAG
51	ATCTATTAAT	gcaaattaag	ctcaaattca	acatccatgg	agaaataaag
101	aaaaaggaaa	aataagcaaa	CAAAGAGCAA	GAAACATCAT	CATGCAAGTA
151	AAAAAGAAAC	TAAGTAAAGC	AATAAGAAGC	GTCTAATTAG	AAGaaacaat
201	gcaagtaaaa	atgGAAGTAA	AGGAATGGAA	GAAGCAAAAC	CTTGATGAGT
251	ATGAAGgaac	aaggttgaat	cttcttttgt	gaagatgaga	gagaaaaatag
301	GAGAAGTGTA	GTGGTGCCGG	AAAAGAGTGG	TTGTCACCGG	TGAGTGGCCA
☐ Select all Primers					

G-I-A12-755 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: gggggaagaagaagaagg			
Start: 9	Length: 21 bp	Tm: 60.5 °C	GC: 52.4 % ANY: 0.0 SELF: 0.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: CGCAGAAAGTTCCTCTACCG			
Start: 163	Length: 20 bp	Tm: 60.0 °C	GC: 55.0 % ANY: 5.0 SELF: 2.0
Product Size: 155 bp		Pair Any: 6.0	Pair End: 1.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
1	AGCCCaagg	gggaagaaga	agaagaagga agttgTTGGT AGCTGTATT
51	AATTGGATTG	TTAGAATTAG	GAACAAATAA TATGTTGTTC ATCACCATGG
101	AAGAAGAAGG	TGAAGAATTA	TAATTGGTTT GAGGAAACGA CGACGGTAGA
151	GGAACCTTCT	GCGCAAATGG	ACGAAGAAGA TAAGGAGGA
☐ Select all Primers			

G-I-A10-124 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: TCTGTGCAGCATCTCAGCTC			
Start: 4	Length: 20 bp	Tm: 60.5 °C	GC: 55.0 % ANY: 5.0 SELF: 2.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: TCCACCTACTTATAATTGCTGTCA			
Start: 193	Length: 24 bp	Tm: 57.9 °C	GC: 37.5 % ANY: 6.0 SELF: 3.0
Product Size: 190 bp		Pair Any: 5.0	Pair End: 1.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
1	CTATCTGTGC	AGCATCTCAG	CTCAGAGATT TGTTTGTGTT CGCATCAACT
51	ATAACAACGC	TACAGCTAGT	CATTGGGAAG TAATTAGAGA CCATTCATTG
101	TTTATTATAT	CTTAGAAGAA	GTAATTACTA TCATGATTAA TATGAGTAAA
151	ATATGACATT	GATATAACAT	GACAGCAATT ATAAGTAGGT GGAGTAGTGA
201	GAGAGAATCT	CAA	
☐ Select all Primers			

G-I-A15-148 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: CCGGTGTGGATTTCCTAAT			
Start: 1	Length: 20 bp	Tm: 58.8 °C	GC: 45.0 % ANY: 4.0 SELF: 2.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: aagcatgcacaagaggaagg			
Start: 154	Length: 20 bp	Tm: 60.4 °C	GC: 50.0 % ANY: 6.0 SELF: 0.0
Product Size: 154 bp		Pair Any: 5.0	Pair End: 2.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
<pre> 1 CCGGTGTGGA TTTTCCTAAT CTGCGCGGAT GCGTCTGTCT TTACGCGCCA 51 CTTCAGCTA tccacatcca cgcgtgcgcg cgaggtgcgc gtgcgcgcct 101 agGCTGGAAT TCCcgaatc caaatcttca tgttccttcc tcttgtgcat 151 gctttccttc TCTCTCTAG GCTATTCTTG CCct </pre>			
☐ Select all Primers			

G-I-A15-983 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: ccatggagaaataaagaaaaagga			
Start: 28	Length: 24 bp	Tm: 59.9 °C	GC: 33.3 % ANY: 6.0 SELF: 0.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: CCGGTAGCACTACACTTctcc			
Start: 263	Length: 21 bp	Tm: 58.9 °C	GC: 57.1 % ANY: 6.0 SELF: 2.0
Product Size: 236 bp		Pair Any: 6.0	Pair End: 3.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
<pre> 1 AATgcaatt aagctcaaat tcaacatcca tggagaaata aagaaaaagg 51 aaaaaaagc aaacaaagag taagaaacat catcatgcaa gtaaaagaga 101 aactaagtaa AGCAATAAGA AGCATCTAAT TAGAAGaaac aatgcaagta 151 aaaatgTAAG TAAAGGAATG GAAGAAGCAA AACCTTGATG AGTATGAagg 201 aacaagttg aatcttcttt tgtgaagatg agagagaaaa aaggagAAGT 251 GTAGTGCTAC CGGAAAAAGT AGTTGTCACC GTAGTTACC GGAGACAGTG 301 GTGGTGGATt gtggaagaag aaaaagagaa gggaaatgat ggatgaaaag 351 aaaaagaaac taaggAAGAG AAGGGTTGA GAGAAAGAA AACAGGGTAG 401 GGTGCGAAGG TTTTAAACTG ACTC </pre>			
☐ Select all Primers			

G-I-A17-827 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: TCATTAATATTTCAATGGTGTGAGA			
Start: 7	Length: 26 bp	Tm: 58.9 °C	GC: 26.9 % ANY: 8.0 SELF: 1.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: GTCACCGGTGGATTGGTAAG			
Start: 166	Length: 20 bp	Tm: 60.2 °C	GC: 55.0 % ANY: 8.0 SELF: 0.0
Product Size: 160 bp		Pair Any: 4.0	Pair End: 0.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
1	TAGCCATCAT	TAATATTTTC	AATGGTGTGA GATAAATTTA ATAGTGTAAAG
51	Attaatcatt	tttcttttaa	tggttAAGTA ATGGTTATAT TTTAACAAAA
101	GTGCTGAATT	CCTAGACTTT	AATGTAACT TATCTATGGT TATAAACTTA
151	CCAATCCACC	GGTGACATAA	GAAAGGAGGA AACATGAAAC AATGGAACCA
201	AGA		
☐ Select all Primers			
Pair 2:			
☐ Left Primer 2: Primer_1_F			

G-I-A19-375 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: CACGCAATTGCCATAGTCAC			
Start: 31	Length: 20 bp	Tm: 60.1 °C	GC: 50.0 % ANY: 8.0 SELF: 3.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: GGTTTCCTAAATGTTATGGGAGTTT			
Start: 239	Length: 25 bp	Tm: 59.9 °C	GC: 36.0 % ANY: 4.0 SELF: 0.0
Product Size: 209 bp		Pair Any: 6.0	Pair End: 3.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
1	ATAAAAACA	CCCATCATTT	TGGGGAAAA CACGCAATTG CCATAGTCAC
51	CGGGATATTT	AAATTGATG	ATTCTGAAAT ATAATTACAT GAACTAcaca
101	tgaaaaataa	ataaccoccta	taataataat aataataata ataataataa
151	taataataat	aataataata	ataataatca ataataataa caacaacaat
201	tagtAGAAAT	AATTAAACTC	CCATAACATT TAGGAAACCT AGAGAACATC
251	ATCT		
☐ Select all Primers			

G-D-A01-861 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: ccaacatggggttagaga			
Start: 29	Length: 20 bp	Tm: 59.8 °C	GC: 50.0 % ANY: 6.0 SELF: 0.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: cggaagtggattttctgtca			
Start: 198	Length: 21 bp	Tm: 60.1 °C	GC: 42.9 % ANY: 3.0 SELF: 3.0
Product Size: 170 bp		Pair Any: 3.0	Pair End: 3.0
Send to Primer3Manager Reset Form			
1	catcaagaca	cagcagagct	cctcaccccc aaccatgggg tttagagact
51	catgctgtgg	aagaaaaacat	gtaaaaatgt cataaggtca tcaaaaggtT
101	GTCTCctgta	ctgatacaat	gtcaaaaggt cctataaata gtaaaactagt
151	gtcctaaggt	ttacagaaat	gagtaaaatga cagaaaaaatc cacttccg
☐ Select all Primers			

G-D-A02-920 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: aagggtggagctctgctg			
Start: 84	Length: 20 bp	Tm: 60.1 °C	GC: 55.0 % ANY: 6.0 SELF: 0.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: cactagagccttgatcgcttg			
Start: 284	Length: 21 bp	Tm: 60.2 °C	GC: 52.4 % ANY: 4.0 SELF: 0.0
Product Size: 201 bp		Pair Any: 5.0	Pair End: 1.0
Send to Primer3Manager Reset Form			
1	tcattgggag	gctagccatt	cggccatgcc tagaccttat gcttatgtat
51	tttcaacggt	ggagttttcta	cacaccatag attaagggtg ggagctctgc
101	tgtacctoga	gtattaatgc	aattactatt gttcttccat tcaattccgc
151	ttgttcttta	tccaagatat	cacttggtct tcaacttgat gaatgtgatg
201	atccgtgaca	ctcatcatca	ttctcaccga agaacaaggt gactgacaac
251	cactcttggt	cta caagcga	tcaaggctct agtgaatata tcttgattc
301	ctgattgcac	gatgcattgt	tgatcgctcg acaaccgagt gctcg
☐ Select all Primers			

G-D-A04-419 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: gaatccagcgattctttgc			
Start: 5	Length: 20 bp	Tm: 59.8 °C	GC: 45.0 % ANY: 7.0 SELF: 2.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: actgacaaccactccgttc			
Start: 158	Length: 20 bp	Tm: 60.0 °C	GC: 55.0 % ANY: 3.0 SELF: 0.0
Product Size: 154 bp Pair Any: 3.0 Pair End: 0.0			
Send to Primer3Manager Reset Form			
<pre> 1 aatagaatcc agcgattctt ttgcgtctgt cactcacgga atggttggt 51 cggttgtcag gcgagcactc ggttgtcagg cgatcaacca tgcacgtgc 101 aatcaggaat ccaagagata ttcaccaat cgaaggtaga acggaggtgg 151 ttgtcagtca caogttcata </pre>			
☐ Select all Primers			

G-D-A05-220 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: AAAAGGCTCACCTACACCACA			
Start: 15	Length: 21 bp	Tm: 59.6 °C	GC: 47.6 % ANY: 3.0 SELF: 0.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: CGTCGTCATTGTGTTGGTTC			
Start: 177	Length: 20 bp	Tm: 60.0 °C	GC: 50.0 % ANY: 3.0 SELF: 0.0
Product Size: 163 bp Pair Any: 6.0 Pair End: 2.0			
Send to Primer3Manager Reset Form			
<pre> 1 taagaacaaC TAAAAAAGG CTCACCTACA CCACAAGCA GAAGCAGAAA 51 GTCAGAAACA GAGTCAGGGA TGGTTTTCCT ACTTGGGGCC GTTGAGAGC 101 AGGCCACCGG CGAGAGATAA CAGAGCTTCG AAGAGGAGTA GAGCAGAGCC 151 TGCAGAGGAA CCAACACAAT GACGACGGAG GAAGCAGAGG CAGACGAGGC 201 ACGAGGTGGA AGCAGAGGCA GAGACAAGCG AGGCACGGCG GAAACAAGGC 251 AGCCGGGACA ACACAGAcgg aaaaggaaaa ggcaagcaGA CAC </pre>			
☐ Select all Primers			

G-D-A06-927 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1:	Primer_F		
Sequence:	AATCCACTATCCACGCCAGA		
Start: 7	Length: 20 bp	Tm: 60.5 °C	GC: 50.0 % ANY: 2.0 SELF: 0.0
☒ Right Primer 1:	Primer_R		
Sequence:	tcaaaaccaatttctgctgc		
Start: 569	Length: 21 bp	Tm: 60.2 °C	GC: 38.1 % ANY: 4.0 SELF: 2.0
Product Size: 563 bp	Pair Any: 4.0	Pair End: 3.0	
Send to Primer3Manager Reset Form			
1	AGACCTAATC	CACTATCCAC	GCCAGATTCT
51	ACTAATCTAA	CCTAATTGAA	ATTAGCTAaa
101	taattaaacta	attataataa	caGAGTGAAT
151	CTGGGAAGCA	CATGGGTggt	aatgagagag
201	agagagagag	agagagagga	aatgatGGTT
251	GTGCGCGGT	AGAGAGGCGG	CGGCGCGGCG
301	TTGTCAACGA	TGAATGGTGG	GTGGAAGGAG
351	AATGGGAGTA	AGGGAGTGAG	AAAGGGAAGA
401	gagagaggtcg	ctggtgcggt	atTTTacaac
451	gcacccgggtc	gtaccaagta	ataccttacg
501	gaggattgat	ggatcaagca	acaatggttg
551	aaGcagaaat	tggttttgag	atgttcaaaa
601	atatcaaaag	gatagacaaa	taaataagtt
651	acagttaagg	tttcagagtt	atctaatttc
☐ Select all Primers			

G-D-A07-743 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1:	Primer_F		
Sequence:	GAACGGCGTTACTTTGCACT		
Start: 28	Length: 20 bp	Tm: 60.3 °C	GC: 50.0 % ANY: 7.0 SELF: 1.0
☒ Right Primer 1:	Primer_R		
Sequence:	aGCAAGTACCCCAATTCCT		
Start: 265	Length: 20 bp	Tm: 59.8 °C	GC: 50.0 % ANY: 4.0 SELF: 0.0
Product Size: 238 bp	Pair Any: 6.0	Pair End: 1.0	
Send to Primer3Manager Reset Form			
1	ACAAGGACGA	ATGTTGTGGG	CATCGGAGAA
51	ACAACCTTAC	AATCCATTTT	AAGTGGGTAC
101	TGGAAATGGG	TTTCATTTTC	AACATTTATC
151	TTTGAGGAGG	ATGGGGGCAA	GTGGGAGTGG
201	ATTGATGACC	ACAGAAACAA	TACTACTAGA
251	TTGGGGGTAC	TTGCTacatt	aatttgattt
☐ Select all Primers			

G-D-A09-113 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help			
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code			
< Back						
Pair 1:						
☒ Left Primer 1:	Primer_F					
Sequence:	CTCGAAGTTGGAGTGAGATGC					
Start: 6	Length: 21 bp	Tm: 60.0 °C	GC: 52.4 % ANY: 7.0 SELF: 2.0			
☒ Right Primer 1:	Primer_R					
Sequence:	AACGTTGAACCACACAACCA					
Start: 188	Length: 20 bp	Tm: 59.9 °C	GC: 45.0 % ANY: 6.0 SELF: 0.0			
Product Size: 183 bp	Pair Any: 4.0	Pair End: 3.0				
Send to Primer3Manager Reset Form						
1	GGGAAC	TCGA	AGTTGGAGTG	AGATGCGGGT	CTAGTTTCAA	GTAAATTCTG
51	GTAACG	TTC	ATAATTGTT	AGTGGCTAAT	GGATTCACag	tgaaaattca
101	aaattgt	TTC	AAGCTAGTTG	TGGATGTTAG	TTAATTGGGA	GTGGAACACT
151	CAGAGA	AAGCA	TTTATAGT	TG	GTTGTGTGGT	TCAACGTTTA
201	ttttttc	ct	ctctttttt	aattattttg	tgatataata	ataaattaat
251	acacGC	AGAG	TAAGAATTAC	TCTTCCCTTT		
☐ Select all Primers						

G-D-A10-113 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help			
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code			
< Back						
Pair 1:						
☒ Left Primer 1:	Primer_F					
Sequence:	GGTTCCGATCAGAGGAGTGA					
Start: 16	Length: 20 bp	Tm: 60.2 °C	GC: 55.0 % ANY: 6.0 SELF: 1.0			
☒ Right Primer 1:	Primer_R					
Sequence:	aagaagaagaacacagaagctg					
Start: 187	Length: 23 bp	Tm: 57.1 °C	GC: 39.1 % ANY: 4.0 SELF: 3.0			
Product Size: 172 bp	Pair Any: 3.0	Pair End: 0.0				
Send to Primer3Manager Reset Form						
1	AAGACC	GAGAA	TGAGAGGTTT	CGATCAGAGG	AGTGAGAAag	tagagagaga
51	aaaaga	aatgg	GGTTGGGATT	TTATGGGgtt	tctctctccc	ctctctcaca
101	cacacac	tca	CTCACAGAGA	GACAcagac	agagagagag	agagagagag
151	agagag	agag	aatacagctt	ctgtgtttct	tcttcttact	TTCAGTTTCA
201	Aag					
☐ Select all Primers						

G-D-A11-141 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: CCATCTTGCAGAAAGTTGAGAA			
Start: 33	Length: 22 bp	Tm: 59.5 °C	GC: 40.9 % ANY: 7.0 SELF: 1.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: AAAGATCCCATTGCCAGAAG			
Start: 214	Length: 20 bp	Tm: 59.1 °C	GC: 45.0 % ANY: 4.0 SELF: 1.0
Product Size: 182 bp		Pair Any: 5.0	Pair End: 0.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
1	GCCACATCat	ttattaattg	attttatttcT TTCCATCTTG CAGAAAGTTG
51	AGAAATGTTT	GCGAACTACC	TGCAGCGCTT CTGGCTTAAC TGGATGTAAG
101	AGTCTCATTG	TTTGTGAAGC	TAAGAAAAAC AATGATGAAG ATCAGTGGTT
151	GATAAATACA	GCTGCCAGCA	ACTGTTTCAA TTCTTCCTCT AATACTTCTG
201	GCAATGGGAT	CTTTGCTG	
☐ Select all Primers			

G-D-A15-136 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: GGCCAATTCATGGGTGACT			
Start: 21	Length: 20 bp	Tm: 59.7 °C	GC: 50.0 % ANY: 6.0 SELF: 2.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: AAATGAAACACATGGGAGGTG			
Start: 183	Length: 21 bp	Tm: 59.7 °C	GC: 42.9 % ANY: 4.0 SELF: 3.0
Product Size: 163 bp		Pair Any: 6.0	Pair End: 3.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
1	CACTGACACT	CCTTCCTCCC	GGCCAATTCC ATGGGTGACT ATTCCCTCCT
51	TCTTCCATGC	TTGCTTCCCT	TCCAGTCACA CTCACACCTC TCTCGCTTTT
101	CTTTGAGCTC	CACAAACATC	ATTATTCATT CATCCCTCA TCCTCATCAA
151	TTCCCTCCT	CCACCTCCC	ATGTGTTTCA TTTTCGAT
☐ Select all Primers			

G-D-A15-928 markeri için primer dizaynı

Pair 2:

☐ Left Primer 2:

Sequence:

Start: 16 Length: 24 bp Tm: 57.8 °C GC: 41.7 % ANY: 7.0 SELF: 1.0

☐ Right Primer 2:

Sequence:

Start: 227 Length: 20 bp Tm: 59.8 °C GC: 40.0 % ANY: 2.0 SELF: 2.0

Product Size: 212 bp Pair Any: 3.0 Pair End: 0.0

G-D-A16-139 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus
pick primers from a DNA sequence

[Primer3Manager](#) [Help](#)
[About](#) [Source Code](#)

< Back

Pair 1:

☒ Left Primer 1:

Sequence:

Start: 7 Length: 18 bp Tm: 62.5 °C GC: 66.7 % ANY: 6.0 SELF: 2.0

☒ Right Primer 1:

Sequence:

Start: 243 Length: 20 bp Tm: 60.4 °C GC: 60.0 % ANY: 4.0 SELF: 2.0

Product Size: 237 bp Pair Any: 5.0 Pair End: 2.0

```

1      tgaggtcacg tgcagggacc tgtgcgggcG CACAGATGCG TGC GTTCGCA
51     CACATGCTGA ATCCTGACTT GTGCCTCTGC ACAAGtacat gtgcgtaoqc
101    acaggtagac ttatgtccac tatagcaaat tgcataatcat tttgaagccc
151    cggacggttag ctttccaatg tcgctggaac cgccatcattt ggacctctat
201    agctcaagtt atgaccaatt tagtacagag aggtcagggc tggcagccttt
251    ccaaattctca ttttcttcat gatttctccc cttttggatg c

```

☐ Select all Primers

G-D-A18-127 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: ACGCCAAACAACAAAACGA			
Start: 3	Length: 19 bp	Tm: 60.1 °C	GC: 42.1 % ANY: 2.0 SELF: 0.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: GGTCGAAAAACCACTAGTGTCC			
Start: 179	Length: 22 bp	Tm: 59.9 °C	GC: 50.0 % ANY: 8.0 SELF: 2.0
Product Size: 177 bp		Pair Any: 3.0	Pair End: 1.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
1	TGACGCCAAA	CAACAAAACG	AACGTATTAA ATGGACATAG TTATTTGGAC
51	GGAGTCAAAG	CGGTTTCATGA	GATTCACATC ATGTATTGAT TTGGTCTTAT
101	GATTTGGTCT	CTAATTAAAA	TTGTACOTTA TTGTCTTTGA GATTGATTTT
151	GATTTTCGGA	CACTAGTGGT	TTTTCGACCT TTTTTC
☐ Select all Primers			

G-D-A19-140 markeri için primer dizaynı

Primer3Plus		Primer3Manager	Help
pick primers from a DNA sequence		About	Source Code
< Back			
Pair 1:			
☒ Left Primer 1: Primer_F			
Sequence: gAACAACTAGATAGTGATCAAGCAtt			
Start: 25	Length: 26 bp	Tm: 57.3 °C	GC: 34.6 % ANY: 6.0 SELF: 2.0
☒ Right Primer 1: Primer_R			
Sequence: TTAAAAGCAAGGTTGCGAAAA			
Start: 194	Length: 21 bp	Tm: 59.9 °C	GC: 33.3 % ANY: 6.0 SELF: 2.0
Product Size: 170 bp		Pair Any: 4.0	Pair End: 2.0
Send to Primer3Manager		Reset Form	
1	tagaaatttt	tatttttgaa	gatagAACAA CTAGATAGTG ATCAAGCAtt
51	acatatatta	atttttaata	attttattta atattttaatt aaaccggttg
101	aaacccggtt	gaaCCCGGT	CAGACCATG AACCACTAAA CCAGTTGTCT
151	TACCGGTTCA	TTAACCGGTC	CGGTTTTCGC AACCTTGCTT TTAATATTAA
201	ACTTCTGGTT	TCATTActga	taataa
☐ Select all Primers			

G-D-A19-113 markeri için primer dizaynı

ÖZGEÇMİŞ

MOİN QURESHİ

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2020-2022	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Antalya
Lisans	Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi
2016-2020	Ziraat Fakültesi, Bitkisel Üretim ve Teknoloji Bölümü, Niğde

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

- 1- Qureshi, M., Langham, D., Lucas, S.J., Uzun, B. and Yol, E. 2022. Breeding history for shattering trait in sesame: classic to genomic approach. *Molecular Biology Reports*, pp.1-10. Doi: <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07636-2>
- 2- Riley, I.T. and Qureshi, M. (2022). Samara water absorption and floatation in sheoaks, Casuarina and Allocasuarina (Casuarinaceae). *Natural History Sciences*, 9: 3-10. Doi: <https://doi.org/10.4081/nhs.2022.541>
- 3- Wajid, A.L.I., Ahmad, M., Iftakhar, F., Qureshi, M. And Ceyhan, A. 2020. Nutritive potentials of Soybean and its significance for humans health and animal production: A Review. *Eurasian Journal of Food Science and Technology*, 4: 41-53. Doi: <https://dergipark.org.tr/en/pub/ejfst/issue/56793/790298>