T.C.

YILDIZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TIBBİ ÖNEMİ OLAN BİTKİLERİN SEKONDER METABOLİTLERİNDE miRNA'LARIN DÜZENLEYİCİ ROLLERİNİN BELİRLENMESİ

Perihan YİĞİT

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı

Moleküler Biyoloji ve Genetik Programı

Danışman

Doç. Dr. Sevgi MARAKLI

Temmuz, 2024

T.C.

YILDIZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TIBBİ ÖNEMİ OLAN BİTKİLERİN SEKONDER METABOLİTLERİNDE miRNA'LARIN DÜZENLEYİCİ ROLLERİNİN BELİRLENMESİ

Perihan YİĞİT tarafından hazırlanan tez çalışması 25.07.2024 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Yıldız Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı, Moleküler Biyoloji ve Genetik Programı **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Sevgi MARAKLI
Yıldız Teknik Üniversitesi
Danışman

Jüri Üyeleri

Doç. Dr. Sevgi MARAKLI, Danışman
Yıldız Teknik Üniversitesi _____

Doç. Dr. Emre YÖRÜK, Üye
İstanbul Yeni Yüzyıl Üniversitesi _____

Doç. Dr. Hilal AY, Üye
Yıldız Teknik Üniversitesi _____

Danışmanım Doç. Dr. Sevgi MARAKLI sorumluluğunda tarafımca hazırlanan "Tıbbi Önemi Olan Bitkilerin Sekonder Metabolitlerinde miRNA'ların Düzenleyici Rollerinin Belirlenmesi" başlıklı çalışmada veri toplama ve veri kullanımında gerekli yasal izinleri aldığımı, diğer kaynaklardan aldığım bilgileri ana metin ve referanslarda eksiksiz gösterdiğimi, araştırma verilerine ve sonuçlarına ilişkin çarpıtma ve/veya sahtecilik yapmadığımı, çalışmam süresince bilimsel araştırma ve etik ilkelerine uygun davrandığımı beyan ederim. Beyanımın aksinin ispatı halinde her türlü yasal sonucu kabul ederim.

Perihan YİĞİT

İmza

Aileme

ve

arkadaşlarıma

TEŞEKKÜR

Yüksek lisans eğitimim boyunca beni yönlendiren veri toplama ve analiz süreçlerinde yardımcı olan sevgili hocam Doç. Dr. Sevgi MARAKLI'ya özverisi ve desteği için sonsuz teşekkür ederim. Bu süreçte dostluklarını esirgemeyen Eda, Rümeysa, Mehmet ve Mehtap olmak üzere tüm arkadaşlarıma teşekkür ederim. Uzakta da olsa manevi desteğini hep hissettiğim arkadaşım Kübra Nur DEMİR'e ayrıca çok teşekkür ederim. Bu süreçte bana ve kız kardeşime maddi ve manevi destek olan annem Yasemin YİĞİT ve babam Ercan YİĞİT'e akademik anlamda desteklerinden dolayı teşekkür ederim.

Perihan YİĞİT

İÇİNDEKİLER

KISALTMA LİSTESİ **vi**
ŞEKİL LİSTESİ **iix**
TABLO LİSTESİ **x**
ÖZET **xi**
ABSTRACT **xiii**
1 GİRİŞ **1**
1.1 Literatür Özeti 1
1.2 Tezin Amacı 3
1.3 Hipotez 3
2 GENEL BİLGİLER **4**
2.1 Kuşkonmaz (*Asparagus officinalis* L.) 4
2.2 Papaya (*Carica papaya* L.) 5
2.3 Dağ Çileği (*Fragaria vesca*) 7
2.4 Soya Fasulyesi (*Glycine max* L. Merr. 8
2.5 Sekonder Metabolitler..... 10
2.6 Mikro RNA 14
2.6.1 miRNA Biyogenezi 14
3 MALZEME VE YÖNTEM **18**
3.1 Enzimlerin Belirlenmesi 18
3.2 Olgun miRNA'ların Belirlenmesi 18
3.3 miRNA Hedef Genlerinin Belirlenmesi 19
3.4 Filogenetik Analiz..... 22
4 BULGULAR **23**
4.1 Enzimlerin ve Bitkilerin Belirlenmesi 23
4.2 miRNA Dizilerinin Elde Edilmesi 23
4.3 miRNA Hedef Genlerinin Belirlenmesi 42
4.4 Filogenetik Analiz..... 210
5 SONUÇ **220**
KAYNAKÇA **225**
TEZDEN ÜRETİLMİŞ YAYINLAR **240**

KISALTMA LİSTESİ

AADC	Aromatik L-amino asit dekarboksilaz
AGO	Argonaute
ATHB13	*Arabidopsis thaliana* homeobox protein 13
BS	Bootstrap
C4H	Sinamat 4-hidroksilaz
CHI	Kalkon izomeraz
CHS	Kalkon sentaz
COMT	Kafeik asit O-metiltransferaz
DCL1	DICER-LIKE 1
DGCR8	DiGeorge syndrome critical region gene 8
DENV	Dengue virüsü
Drosha	Double-stranded RNA-specific endoribonuclease
dsRNA	Double stranded RNA- çift zincirli RNA
FLS	Flavonol sentaz
HEN1	Hua enhancer 1
HeLa	Henrietta Lacks
HYL1	Hyponastic leaves 1
ITOL	Interactive tree of life
KEGG	Kyoto encyclopedia of genes and genomes
lncRNA	Uzun kodlamayan RNA
lin-4	Linage abnormal-4
MCF-7	Michigan Cancer Foundation-7
MDA-MB-231	Michigan Cancer Foundation - Meme Adenokarsinoma - Michigan Brainerd
MEGA 11	Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11.
MEP	Non-mevalonate pathway
MFE	Minimum Free Energy
mRNA	Messenger Ribonucleic Acid
MYB	Myeloblastosis
NCBI	National Center for Biotechnology Information

NJ	Neighbour-Joining
OMT1	O-Methyltransferase 1
PAL	Fenilalanin amonyak-liyaz
p distance	Pairwise distance
pri-miRNA	Primary microRNA
psRNATarget	Plant small RNA target analysis server
RISC	RNA kaynaklı susturma kompleksi
RNA Pol II	RNA Polymerase II
SPL7	SQUAMOSA promoter binding protein-like 7
SPL11	SQUAMOSA promoter binding protein-like 11
TRBP	Trans-aktivasyon yanıtı RNA bağlayıcı protein
TRI	Tropinon redüktaz I
fve	Dağ çileği
gma	Soya fasulyesi
cpa	Papaya
lncRNA	Uzun kodlamayan RNA
BIA	Benzilizokinolin alkaloidleri
TF	Transkripsiyon faktörü
DEG	Diferansiyel olarak anlatım yapan gen
PRSV	Papaya ringspot virusü
qRT-PCR	Kantitatif ters transkripsiyon polimeraz zincir reaksiyonu
NSCLC	Küçük hücreli olmayan akciğer kanseri
SPL	SQUAMOSA promoter-binding protein-like
EMS	Etil metansülfonat
ROS	Reaktif oksijen türleri
des	Derin tırtıklı
WNT	Wingless-related integration site
Nanog	Nanog homeobox
MAPK-AKT	Mitojen Aktif Protein Kinaz
ERK	Hücre dışı sinyalle düzenlenen kinaz
LCP2	Lenfosit Sitoplazmik Protein 2

CDK6	Sikline Bağımlı Kinaz 6
RUNX1	Runt-İlgili Transkripsiyon Faktörü 1
KCNMA1	Potasyum Kalsiyum-Aktive Edilen Kanal Alt Ailesi M Alfa 1

ŞEKİL LİSTESİ

Şekil 2.1 Flavonoid biyosentezi ……..……..……..11

Şekil 2.2 Fenilpropanoid biyosentezi ….……...12

Şekil 2.3 İndol alkoloid biyosentezi (pembe-AADC……13

Şekil 2.4 Hayvan ve bitki miRNA biyogenezi……...15

Şekil 2.5 Papaya verisinin ilk beş satırı…….……20

Şekil 4.1 miRNA'ların hedefe bağlanma konumu ve MFE değerleri……...…43

Şekil 4.2 Kalkon sentaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları ……...……..211

Şekil 4.3 Kalkon izomeraz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. ……..……..212

Şekil 4.4 Flavonol sentaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları ……...……..213

Şekil 4.5 Sinamat-4-hidroksilaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları ……214

Şekil 4.6 Fenilalanin amonya-liyaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları ……215

Şekil 4.7 Aromatik l-amino asit dekarboksilaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları …….…….216

Şekil 4.8 Troponin redüktaz I için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. ……..……..….217

Şekil 4.9. Kafeik asit O-metiltransferaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları …….……...….218

Şekil 4.10. Kafeoil – CoA O- metiltransferaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları ……...……219

TABLO LİSTESİ

Tablo 4.1 Dağ çileği bitkisinin olgun miRNA dizileri ……..24
Tablo 4.2 Papaya bitkisinin olgun miRNA dizileri ……...26
Tablo 4.3 Kuşkonmaz bitkisinin olgun miRNA…….……...27
Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri……..…..29
Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri…….……....45
Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri……73
Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri…….…..……92
Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri……..……..…116

ÖZET

TIBBI ÖNEMİ OLAN BİTKİLERİN SEKONDER METABOLİTLERİNDE miRNA'LARIN DÜZENLEYİCİ ROLLERİNİN BELİRLENMESİ

Perihan YİĞİT

Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı

Moleküler Biyoloji ve Genetik Programı

Yüksek Lisans Tezi

Danışman: Doç. Dr. Sevgi MARAKLI

MikroRNA'lar (miRNA'lar), genlerin anlatımlarını düzenleyen 18-22 baz çifti uzunluğunda kısa kodlamayan RNA molekülleridir. Metabolik yolaklardaki miRNA'ların tespitiyle istenilen metabolitler arttırılabilir, istenmeyenler azaltılabilir veya yeni yeni metabolitler üretilebilir. Bu çalışma; tıbbi olarak önemli olan dağ çileği (*Fragaria vesca* L.), papaya (*Carica papaya* L.), kuşkonmaz (*Asparagus officinalis* L.) ve soya fasulyesi (*Glycine max* L.) bitkilerinde ortak olarak üretilen flavonoid, fenolik asit, alkaloid, terpenoid, kumarin ve stilben metabolitlerinin metabolizmasında yer alan dokuz önemli enzimi hedefleyen miRNA'ların tespit edilmesi ve aralarındaki evrimsel ilişkinin analiz edilmesidir. Bu amaçla; kalkon sentaz, kalkon izomeraz, flavonol sentaz, sinamat 4-hidroksilaz, fenilalanin amonya-liyaz, aromatik l-amino asit dekarboksilaz, troponin redüktaz I, kafeik asit O-metiltransferaz, kafeoil – CoA O- metiltransferaz olarak dokuz enzim tespit edildi. Dört bitkiye ait olgun miRNA'lar miRBase veritabanından alındı. Enzimlerin her biri için filogenetik ağaçlar oluşturuldu. CHS enzimini hedefleyen kuşkonmazda 9, papayada 6, dağ çileğinde 16 ve soya fasulyesinde 49 tane miRNA

belirlendi. CHI enzimini hedefleyen miRNA'ların sayısı sırasıyla 9, 4, 5 ve 56 olarak bulundu. FLS enzimi için kuşkonmazda 11, dağ çileğinde 7, papayada 6 ve soya fasulyesinde 26 tane miRNA tespit edildi. Dört bitkide sırasıyla 4, 5, 10 ve 40 miRNA'nın C4H enzimini hedeflediği görüldü. Kuşkonmazda 16, dağ çileğinde 17, papayada 11 ve soya fasulyesinde 17 miRNA'nın PAL enzimini hedeflediği bulunurken AADC enzimi sırasıyla 11, 9, 6 ve 50 olduğu görüldü. TR1 enzimi için miRNA'ların sayısı kuşkonmazda 10, papayada 6, dağ çileğinde 8 ve soya fasulyesinde 30 iken COMT enzimini için sırasıyla 16, 8, 7 ve 38 miRNA belirlendi. Son olarak CCoAOMT enzimi için kuşkonmazda 12, papayada 5, dağ çileğinde 8 ve soya fasulyesinde 40 olarak tespit edildi. Filogenetik analizlerde; kuşkonmaz ile dağ çileği, kuşkonmaz ile soya ve kuşkonmaz ile papaya miRNA'ları arasında homoloji olduğu görüldü. Bu sonuçların, bitki sekonder metabolitlerinin optimizasyonu ve terapötik yeni metabolitlerin üretimi üzerine farklı bir bakış açısı sağlaması beklenmektedir.

Anahtar Kelimeler: Epigenetik, kodlama yapmayan RNA, tıbbi önemi olan bitki, mikroRNA

ABSTRACT

DETERMINATION OF REGULATORY ROLES OF miRNAS IN SECONDARY METABOLITES OF MEDICINALLY IMPORTANT PLANTS

Perihan YİĞİT

Department of Molecular Biology And Genetics

Molecular Biology and Genetics Program

Master of Science Thesis

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Sevgi MARAKLI

MicroRNAs (miRNAs), short non-coding RNA molecules of 18-22 base pairs in length, regulate gene expression. Identifying miRNAs in metabolic pathways can enhance desired metabolite production, reduce unwanted metabolites, and produce new metabolites. This study identified miRNAs targeting nine enzymes involved in the metabolism of flavonoids, phenolic acids, alkaloids, terpenoids, coumarins and stilbene metabolites commonly produced in medicinally important mountain strawberry (*Fragaria vesca* L.), papaya (*Carica papaya* L.), asparagus (*Asparagus officinalis* L.) and soya bean (*Glycine max* L.) plants, and analyse evolutionary relationships among these miRNAs. For this purpose, nine enzymes including chalcone synthase, chalcone isomerase, flavonol synthase, cinnamate 4-hydroxylase, phenylalanine ammonia-lyase, aromatic lamina acid decarboxylase, troponin reductase I, caffeic acid O-methyltransferas, and caffeoyl -CoA O-methyltransferase were identified. Mature miRNAs belonging to four plants were

retrieved from miRBase database. Phylogenetic trees were constructed for each of the enzymes. The miRNAs targeting the CHS enzyme were identified as 9 in asparagus, 6 in papaya, 16 in mountain strawberry, and 49 in soybean. For the CHI enzyme, 9, 4, 5, and 56 miRNAs were found in the same plants, respectively. 11 miRNAs in asparagus, 7 in mountain strawberry, 6 in papaya, and 26 in soybean were detected for the FLS enzyme. In asparagus, wild strawberries, papaya, and soybeans, 4, 5, 10, and 40 miRNAs, respectively, targeted the C4H enzyme. The PAL enzyme was targeted by 16 miRNAs in asparagus, 17 in wild strawberries, 11 in papaya, and 17 in soybeans. For the AADC enzyme, the numbers were 11, 9, 6, and 50, respectively. The TR1 enzyme had 10 miRNAs in asparagus, 6 in papaya, 8 in wild strawberries, and 30 in soybeans. The COMT enzyme was targeted by 16, 8, 7, and 38 miRNAs, respectively. Finally, the CCoAOMT enzyme had 12 miRNAs in asparagus, 5 in papaya, 8 in wild strawberries, and 40 in soybeans. Phylogenetic analyses revealed homology between asparagus and mountain strawberry, soybean, and papaya miRNAs. These results are expected to provide a different perspective on the optimization of plant secondary metabolites and the production of new therapeutic metabolites.

Keywords: Epigenetics, non-coding RNAs, medicinal plants, miRNA

1
GİRİŞ

1.1 Literatür Özeti

Epigenetik, DNA'da herhangi bir değişiklik olmadan gen anlatımında görülen kalıtsal olan veya kalıtsal olmayan değişikliklerdir. Gen anlatımının çevresel faktörler ve diğer faktörler tarafından nasıl etkilendiğini inceler [1], [2]. Gen anlatımının epigenetik düzenlenmesinde yer alan DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, kromatin yeniden modellemesi ve kodlama yapmayan RNA'lar (kısa kodlama yapmayanlar ya da uzun kodlama yapmayanlar) olmak üzere çeşitli farklı epigenetik mekanizmalar yaygın olarak çalışılmaktadır [3], [4]. Gen anlatımının düzenlenmesinde rol oynayan kodlama yapmayan RNA'lardan biri olan mikro RNA'lar (miRNA), 18 ile 22 nükleotit (nt) uzunluğundadır. Post-transkripsiyonel ve post-translasyonel seviyede gen anlatımını düzenleyen tek sarmallı RNA moleküleridir. Hedef mRNA'ya tamamlayıcılık esasına göre bağlanarak mRNA yıkımını sağlar ve/veya translasyonel baskılama yoluyla genlerin anlatımını düzenler [5]. miRNA'lar; bitkilerin gelişimi, büyümesi, sinyal iletimi, abiyotik ve biyotik stress gibi trankripsiyon faktörlerin, stress yanıt proteinleri gibi fonksiyonları kodlayan genlerin anlatımını kontrol eder, genom bütünlüğünü korur ve birincil ve ikincil metabolit gibi biyolojik süreçleri düzenler [6], [7].

Bitkilerin farmasötik, tıbbi, endüstriyel açıdan değerli olmasında yapılarındaki metabolitlerin büyük katkıları vardır. Bitki, mikroorganizma ve diğer organizmalar tarafında üretilen doğal ürünler olan metabolitler çeşitli biyolojik aktivitelere sahip olduklarından ilaç, tarım, kozmetik gibi çeşitli endüstrilerde önemli rol oynamaktadır. İlk metabolit ve doğal ürün olan morfin, 1806 yılında afyon haşhaşından (*Papaver somniferum*) izole edilerek biyoaktif metabolit keşfi araştırmaları için yeni çalışmalara ön ayak olmuştur. Günümüzde sekonder metabolit araştırmaları giderek artmaktadır [8].

Metabolitler bitki büyümesi için doğrudan etkili olan primer metabolitler ve bitki çevre etkileşimlerine aracılık eden sekonder metabolitler olarak iki gruba ayrılır [9].

Flavonoid, terpenoid, alkaloid gibi pek çok sekonder metabolitin metabolik yollarının düzenlenmesinde miRNA'ların etkili olduğu bilinmektedir. miRNA'lar pozitif veya negatif olarak düzenlendikleri için bu yolaklara dahil olan miRNA'ların tespiti ile istenilen metabolitlerin üretimi arttırılabilir, istenmeyen metabolitlerin üretimi azaltılabilir veya yeni metabolit üretimi için bu miRNA'lardan faydalanılabilir [10], [11].

Sekonder metabolit üretiminde etkili birçok enzim rol oynamaktadır. Flavonoid/izoflavonoid yolunun başlangıç aşamasını katalize eden ve fenilpropanoid biyosentezi için oldukça önemli olan kalkon sentaz [12], flavonoid ve izoflavon gibi birçok alt metabolitin yapısını oluşturan temel bileşenler olan flavanonları üreten reaksiyonu katalize eden kalkon izomeraz [13], ve kuersetin ve kaempferol gibi flavonolleri üretmek için (2R,3R)-trans-dihidroflavonollerin desatürasyonunu katalize eden flavonol sentaz [14] oldukça önemli enzimlerdir. Bununla birlikte lignin ve flavonoidler gibi çok sayıda fenolik bileşiğin öncüsünü sentezlemek için fenilpropanoid yolunun ikinci adımını katalize eden sinamat 4-hidroksilaz [15], lignin, flavonoidler, lignanlar, fenolik asitler, tanenler, kumarinler gibi sekonder metabolitlerin biyosentezini yönlendiren fenilalanin amonya-liyaz ve monoterpen indol alkaloidleri ile benzilizokinolin alkaloidleri gibi çeşitli alkaloid metabolitlerini sentezlemek için triptamin ve tiramin sağlamaktan sorumlu olan aromatik l-amino asit dekarboksilaz enzimleri de oldukça önemlidir [16]. Ayrıca, tropan alkaloid biyosentezinde anahtar enzim olan troponin redüktaz I [17] ve flavonoidler, antosiyaninler, proantosiyanidinler, ligninler gibi metabolitlerin biyosentezinde yer alan fenil propanoid yolunda önemli bir enzim olan kafeik asit O-metiltransferaz [18] ve son olarak lignin oluşumu ve çeşitli flavonoidler, antosiyaninler , kumarinler ve aromatik esterler gibi fenolik metabolitleri de metilleyebilen kafeoil-CoA O-metiltranferaz enzimleri de sekonder metabolitlerin üretilmesindeki önemli enzimler arasındadır.

Literatüre bakıldığında birçok bitki türünde yüzlerce miRNA'nın tanımlandığı görülmektedir. Ayrıca bir miRNA'nın birden fazla genin anlatımını düzenlediği ve hatta bir genin de birden fazla miRNA tarafından düzenlendiği de bilinmektedir. Bu nedenle bu karmaşık düzenleme sisteminde sekonder metabolit ve miRNA

arasındaki ilişkileri aydınlatmak için ve bu yolaklara müdahale için daha fazla çalışmaya ihtiyaç olduğu görülmektedir.

1.2 Tezin Amacı

Bu tez çalışmasının amacı, tıbbi önemi olan kuşkonmaz (*Asparagus officinalis*), papaya (*Carica papaya*), dağ çileği (*Fragaria vesca*) ve soya fasulyesi (*Glycine max*) bitkilerinde, sekonder metabolit üretiminde önemli rol oynayan kalkon sentaz (CHS), kalkon izomeraz (CHI), flavonol sentaz (FLS), sinamat 4-hidroksilaz (C4H), fenilalanin amonya-liyaz (PAL), aromatik L-amino asit dekarboksilaz (AADC), troponin redüktaz I (TRI), kafeik asit O-metiltransferaz (COMT), kafeoil – CoA O- metiltransferaz (CCoAOMT) olmak üzere toplam dokuz enzimin anlatımını düzenleyen miRNA'ların *in siliko* belirlenmesidir.

1.3 Hipotez

miRNA'ların sekonder metabolit yolaklarında düzenleyici olarak rol aldığı çeşitli çalışmalarla ortaya konulmuştur. Dağ çileği, papaya, kuşkonmaz ve soya fasulyesi, dünyanın pek çok yerinde tıbbi olarak öneme sahiptir. Bu çalışmada ilgili bitkilerin ürettiği sekonder metabolit yolaklarında düzenleyici olarak rol alan miRNA'ların ve hedeflerinin tespit edilmesi öngörülmüştür.

2
GENEL BİLGİLER

2.1 Kuşkonmaz (*Asparagus Officinalis* L.)

Kuşkonmaz (*Asparagus officinalis* L.), dünya çapında en sağlıklı sebzeler arasında yer alan Asparagaceae ailesine ait çok yıllık otsu, düşük kalorili bir sebzedir. Dünyada 200 civarında kuşkonmaz türü bulunmaktadır. Bu türler arasında *Asparagus officinalis* en yaygın olan olarak yetiştirilir. Beyaz, yeşil ve mor renklerde kuşkonmazlar mecuttur [19]. Kromozom sayısı 2n=2x=34'dür [20]. Dünyanın pek çok yerinde yetişen kuşkonmazın 2023 yılındaki üretimi, 8,8 milyon ton olarak rapor edilmiştir. Yıllık üretim açısından Çin 7,7 milyon ton, Peru 368 bin ton ve İtalya 301 bin tonluk üretimle en büyük kuşkonmaz üreticileri arasındadırlar [21].

Yapısındaki kinosin, kafeikasit, ferulik asit, rutin ve kuersetin gibi biyoaktif bileşikler ve besinsel bileşimi nedeniyle dünya çapında büyük oranda tüketilen kuşkonmazın %90'nından fazlası sudur. Geri kalan içeriği ise lif, vitamin, mineral, karbonhidrat ve protein açısından zengindir [22], [23]. Tıbbi önemi olan bu bitkinin yapısında bulunan diğer bileşikler ise saponinler, flavonoidler, fenolik bileşikler ve çeşitli vitamin türleri olarak sıralanabilir [24], [25]. Kuşkonmazın antioksidan aktivitesi özellikle filizlerinde bulunan rutin adı verilen flavonoidle pozitif ilişkilidir [26], [27]. Antitümor, antifungal ve hücresel aktivitelerin düzenlenmesi gibi önemli özelliklere sahip olan kuşkonmazın steroidleri ve bunlardan türetilen saponinleri temel aktif farmakolojik bileşikler olarak kabul edilir [28].

A. officinalis bitkilerinde miRNA'yı tanımlamak için yüksek verimli dizileme teknolojisi kullanılan bir çalışmada 154 korunmuş miRNA ve 39 spesifik yeni miRNA adaylarını tanımlamışlardır. Tanımlanan miRNA'ların hormon sinyalleşmesi, çiçek gelişimi, metabolizma ve transkripsiyonel düzenlemeler gibi çeşitli biyolojik süreçlerde rol oynayan 40 potansiyel hedefi belirlenmiş ve hem miRNA'ların hem de hedeflerin anlatım seviyeleri erkek ve dişi bitkiler arasında karşılaştırılmıştır. Özellikle üreme organı gelişiminde yer alan miR159, miR167 ve miR172 gibi ailelerinin erkek ve dişi bitkiler arasında ve ayrıca çiçek gelişimi sırasında farklı şekilde anlatım yaptığı gözlemlenmiştir. Asparagus gibi tarımsal

öneme sahip bitkilerde miRNA'ların önemini vurgulayan bu çalışma miRNA'ların cinsiyet belirleme ve üreme gelişim süreçlerindeki potansiyel rollerini ortaya koymaktadır [29]. Cinsiyete dayalı gen anlatımını araştıran başka bir çalışmada *A. officinalis* bitkisinde RNA-Seq teknolojisi kullanılarak dioik bahçe kuşkonmazının üreme organlarında cinsiyet özgül gen anlatımı araştırılmıştır. Araştırma sonucunda dişi ve erkek/süper erkek çiçek tomurcuklarının olası cinsiyet belirleme aşamasında 4876 adet farklı anlatım yapan gen tanımlanmıştır. Çeşitli ailelere ait 128 transkripsiyon faktörü (TF) ile ilişkili genin farklı şekilde anlatım yaptığı da bulunmuştur. Korelasyon analizi sonucunda miRNA-DEG (diferansiyel gen anlatımı) çiftlerinin kuşkonmazın cinsel gelişiminde de rol oynadığı belirlenmiştir [30].

2.2 Papaya (*Carica papaya* L.)

Papaya (*Carica papaya* L.), Caricaceae ailesine ait çok yıllık tropikal bir bitkidir [31]. Kromozom sayısı, 2n=2x=18 olan papaya 372 Mb'lık küçük bir genoma sahiptir [32], [33]. Yılda yaklaşık olarak dünya çapında 13,7 milyon ton papaya üretilmektedir. Yıllık olarak en fazla papaya üreten ülkeler 6,05 milyon ton ile Hindistan, 1,2 milyon ton ile Dominik Cumhuriyeti ve 1,2 milyon ton ile Brezilya'dır [34].

Anti-bakteriyel, anti-enflamatuar, nefroprotektif, anti-parazitik, anti-diyabetik ve hepatoprotektif gibi sahip olduğu tıbbi özellikleriyle hem geleneksel tıpta hem de dünya çapında öneme sahiptir [35]. Ayrıca papaya bitkisi; mide rahatsızlıkları, ishal, cilt hastalıkları, soğuk algınlığının tedavisinde de geleneksel olarak kullanılmaktadır [36], [37].

Papaya bitkisinin içeriğinde; A, C ve E vitamini olan üç güçlü antioksidan ve önemli miktarda mineral bulunmaktadır. Lif açısından da zengin olan bu bitkinin içeriğinde flavonoid, alkaloid, mineraller**,** fenolik bileşikler ve saponin gibi bileşikler bulunmaktadır [38], [39].

Papayanın insan sağlığı üzerine yararlı etkilerini araştıran bir çalışmada hesaplamalı yaklaşımlar kullanılarak insanda 37 geni hedef alan 2 yeni miRNA bulunmuştur. Araştırmacılar belirlenen hedeflerin biyolojik süreçte, moleküler fonksiyonda ve hücresel bileşenlerde önemli rol oynadığını göstermişlerdir. Ayrıca

potansiyel miRNA'lar; meme kanseri, kolorektal kanser, küçük hücreli olmayan akciğer kanseri (NSCLC) ile de ilişkiledirilmiştir. Aynı ekibin önemli bulgularında biri 37 hedeflenen genin içinde kanser yolaklarında yer alan 18 genin bulunmasıdır. Kanser yolakları ve trombosit düzenlemesi ile ilişkilendirilen; lenfosit sitoplazmik protein 2 (LCP2), sikline bağımlı kinaz 6 (CDK6)**,** runt-ilgili transkripsiyon faktörü 1 (RUNX1) ve potasyum kalsiyum-aktive edilen kanal alt ailesi m alfa 1 (KCNMA1) çalışmanın öne çıkan genleri arasındadır. Bu sonuçlar daha ileriki çalışmaları için insanlarda yeni terapötik hedefler olarak *C. papaya* aracılı miRNA'ların altında yatan mekanizmaların aydınlatılması için önemli bir adımdır. [40].

Bu çalışmayı takiben bitki kaynaklı miRNA'ların farklı alemler arasındaki etkileşimi (cross-kingdom) araştıran Jha vd [41], *Carica papaya*'dan elde edilen miRNA'ların potansiyel hedeflerini ve fonksiyonlarını incelemişlerdir. Araştımalar sonucunda Cpa_miR-m1403 ve Cpa_miR-m0016 gibi yeni miRNA'ların 383 insan hedef geninin %70'ini hedeflediği gösterilmiş ve tanımlanan hedeflerin "wingless-related integration site" (WNT), **"**Nanog homeobox" (Nanog)**,** mitojen aktif protein kinaz (MAPK-AKT), hücre dışı sinyalle düzenlenen kinaz (ERK) sinyal yolakları, trombosit aktivasyonu ve agregasyonu gibi çeşitli sinyal yolaklarında yer aldığı rapor edilmiştir. İnsanlardaki bu olası hedef genlerin çoğunlukla kanser, diyabet, akıl hastalığı ve trombosit bozukluğu gibi çeşitli hastalıklarla bağlantılı olduğu belirtilmiştir.

Başka bir çalışmada papaya üretimini önemli ölçüde engelleyen "papaya ringspot virus" (PRSV) adlı virüsün bazı papaya genotiplerinde meydana gelen PRSV direncinin mekanizmasının moleküler temeli araştırılmıştır. Çalışma ilk kez hem PRSV'ye toleranslı hem de duyarlı, papaya genotiplerinde PRSV enfeksiyonuna yanıt olarak miRNA'ların anlatımının incelenmesi açısından önemlidir. Araştırmacılar bazı miRNA'ların papaya genotiplerinde farklı düzenlendiğini ve sağlıklı ve PRSV enfekte bitkilerde tamamen farklı miRNA anlatım profiline sahip olduklarını bulmuştur [42].

2.3 Dağ Çileği (*Fragaria vesca*)

Rosaceae ailesinin bir üyesi olan dağ çileği (*Fragaria vesca*), kısa yaşam döngüsüne sahip çok yıllık otsu bir bitkidir. Küçük bir genoma (240 Mb genom) sahip olan dağ çileğinin kromozom sayısı, 2n=2x=14'tür [43]. Dünya çapında pek çok çilek çeşidi bulunmasına rağmen hibrit bir tür olan *Fragaria x ananassa* Duchesne, *Fragaria vesca* L. ve *Fragaria chiloensis* (L.) Mill. ticari olarak yetiştirilen çilek türleridir [44]. Dünya genelinde yıllık çilek üretim miktarı 8,9 milyon tondur ve Dünyanın en büyük çilek üreticilerinden biri 3,2 milyon tonluk üretimi ile Çin'dir. İkinci sırada ise 1,021 milyon tonluk yıllık üretimle ABD yer alırken üçüncü büyük çilek üreticisi 861.337 tonluk üretimle Meksika'dır [45].

Çilek pek çok metabolik yolda yer alan folat ve C vitamini açısından zengin bir bitkidir [46]. Ayrıca antosiyaninler, proantosiyanidinler, serbest ve konjuge elajik asit ile ellagitanninler gibi flavonoidleri içerdiğinden önemli bir fenolik asit ve polifenolik bileşik kaynağıdır. Zengin içeriği sayesinde antioksidan, anti-inflamatuar, anti-bakteriyel özelliklere sahiptir ve pek çok açıdan tıbbi olarak önemli bir kaynak olarak kabul edilmektedir [47].

Çilekte, miRNA'ların meyve gelişimi ve olgunlaşmadaki rolünü araştıran Han vd. [48], 218 korunmuş miRNA ve 87 yeni miRNA tanımlamışlardır. Çalışmada meyve gelişimi ve olgunlaşma sırasında miRNA'ların anlatım profili çıkarılmış ve miRNA'ların hedeflerinin anlatımı da RT-PCR ile doğrulanmıştır. Araştırmacılar bu çalışmanın çilekte meyve gelişimi ve olgunlaşmasında rol oynayan moleküler mekanizmaların daha fazla araştırılması için veri sağladığını vurgulamışlardır.

Yapılan başka bir çalışmada *Fragaria vesca*'da "derin tırtıklı" (deeply serrated**,** des) adı verilen kırışık yapraklar, daha derin dişler, dişli taç yapraklar ve şekilsiz taç yaprakçıkları ile karakterize olan etil metansülfonat (EMS) mutantı tanımlanmıştır. Bu fenotiplere neden olan, FveMIR164a olgun dizisinin 19. nükleotidinde meydana gelen bir mutasyondur. Araştırmacılar Des/fvemir164a mutantlarında FveMIR164A'nın aşırı anlatımının fenotiplerin taç yaprak dişleri haricinde düzeltilmesini kısmen sağlamıştır. Ayrıca düzgün kenarlı yapraklar ve kaynaşmış yaprakçıklar geliştiren ve FvemiR164a'nın bir hedefi olan FveCUC2a'nın fvemir164a ve fvecuc2a olmak üzere iki mutant alleli belirlenmiştir.

Belirlenen her iki gen yaprak ve karpel gelişiminde doğrusal olarak ama çiçeklenme yapısının gelişiminde sinerjistik olarak hareket ettiğini göstermiştir [49].

Fragaria vesca bitkisinde SQUAMOSA promoter-binding protein-like (SPL) genlerinin rolünü araştıran bir araştırmada ise bitkinin genomunda eşit olarak dağılmayan 14 adet *FvSPL* geni belirlenmiştir. Ayrıca FvmiR156 genlerinin anlatımının arttığı ancak FvmiR156 tarafından hedeflenen *FvSPL* genlerinin anlatımının azaldığı gösterilmiştir. Araştırmacılar yapılan çalışmanın çilek büyüme gelişim mekanizmalarının anlaşılmasına katkı sağlayacağını belirtmişlerdir [50].

2.4 Soya Fasulyesi (*Glycine max* L. Merr.)

Soya fasulyesi (*Glycine max* L. Merr.) dünyanın en önemli baklagil tohumudur [51]. Leguminosae ailesine ve Papilionaceae alt ailesine aittir. *Glycine* cinsi *Glycine* ve *Soja* olmak üzere iki alt türden oluşur. *Glycine*, çok yıllık ve 22 türden oluşurken, *Soja* tek yıllıktır ve kültür soya fasulyesi *G. max* L. Merrill ve yabani soya fasulyesi *G. soja* olmak üzere iki türden oluşur [52]. Kromozom sayısı, 2n=2x=40'dır [53]. Dünya genelinde 399 bin ton soya fasulyesi üretilmiştir. Yıllık olarak en fazla soya fasulyesi üreten ülkeler; 161 bin ton ile Brezilya, 112.385 ton ile ABD ve 48 bin ton ile Arjantin'dir [54].

Önemli bir yağlı tohum mahsülü olan soya fasulyesi, hem gıda ve hayvan yemi için toplam proteninin dörtte birinden fazlasını sağlaması hem de ikinci büyük yağ kaynağı olması nedeniyle tarımsal olarak önemli bir ürün olarak kabul edilmektedir [55], [56]. Karbonhidratlar, vitaminler, α-tokoferol ve mineraller gibi önemli besin maddelerini de içermektedir [57]. Ayrıca, soya fasulyesi önemli bir izoflavonoid kaynağıdır. Bu nedenle Doğu Asya ülkelerindeki insanların diyetlerinin önemli bir bileşenidir [58]. Sahip olduğu yüksek izoflavon içeriği kardiyovasküler hastalıklar ve osteoporoz riskini azaltmada oldukça önemlidir [59]. Bununla birlikte, soya fasulyesi ve türetilmiş gıdalardan elde edilen bir biyoaktif peptit olan lunasinin; hiperkolesterolemi, obezite, metabolik sendrom, kardiyovasküler bozukluklar ve kansere karşı önleyici molekül olduğu bilinmektedir [60], [61].

Soya bitkinde tuzluluk stresine yanıt olarak miRNA'lar ve uzun kodlamayan RNA'lar (lncRNA'lar) arasındaki etkileşimleri araştıran bir çalışmada, tuzluluk stresi altında bir soya fasulyesi türü olan C08 ve yabani bir soya fasulyesi türü olan

W05'in kök ve yaprağındaki bir grup miRNA'nın anlatım modellerinin profili çıkarılmıştır. Çalışmada, miR166m molekülünün "miRNA arm-switching" aktivitesi gösterdiği ve farklı dokularda farklı genleri hedeflediği ilk kez soya fasulyesinde gösterilmiştir. Ayrıca bu miRNA'nın, soya fasulyesinin tuzluluk stresine karşı yanıtta kayda değer bir rol oynadığı da belirtilmiştir. MiR166m'nin iki kolu, tuzluluk stresiyle ilişkili farklı genleri hedef aldığı rapor edilmiştir (miR166m-5p tarafından hedeflenen kloroplastik beta-amilaz 1 ve miR166m-3p tarafından hedeflenen kalsiyuma bağımlı protein kinaz 1). Ayrıca tuzluluk stresine yanıt olarak miRNA ve lncRNA arasındaki etkileşimi temsil eden iki çift de tespit edilmiştir. Bunlar miR166i-5p ve lncRNA Gmax_MSTRG.35921.1 ve miR394a-3p ve lncRNA Gmax_MSTRG.18616.1'dır [62].

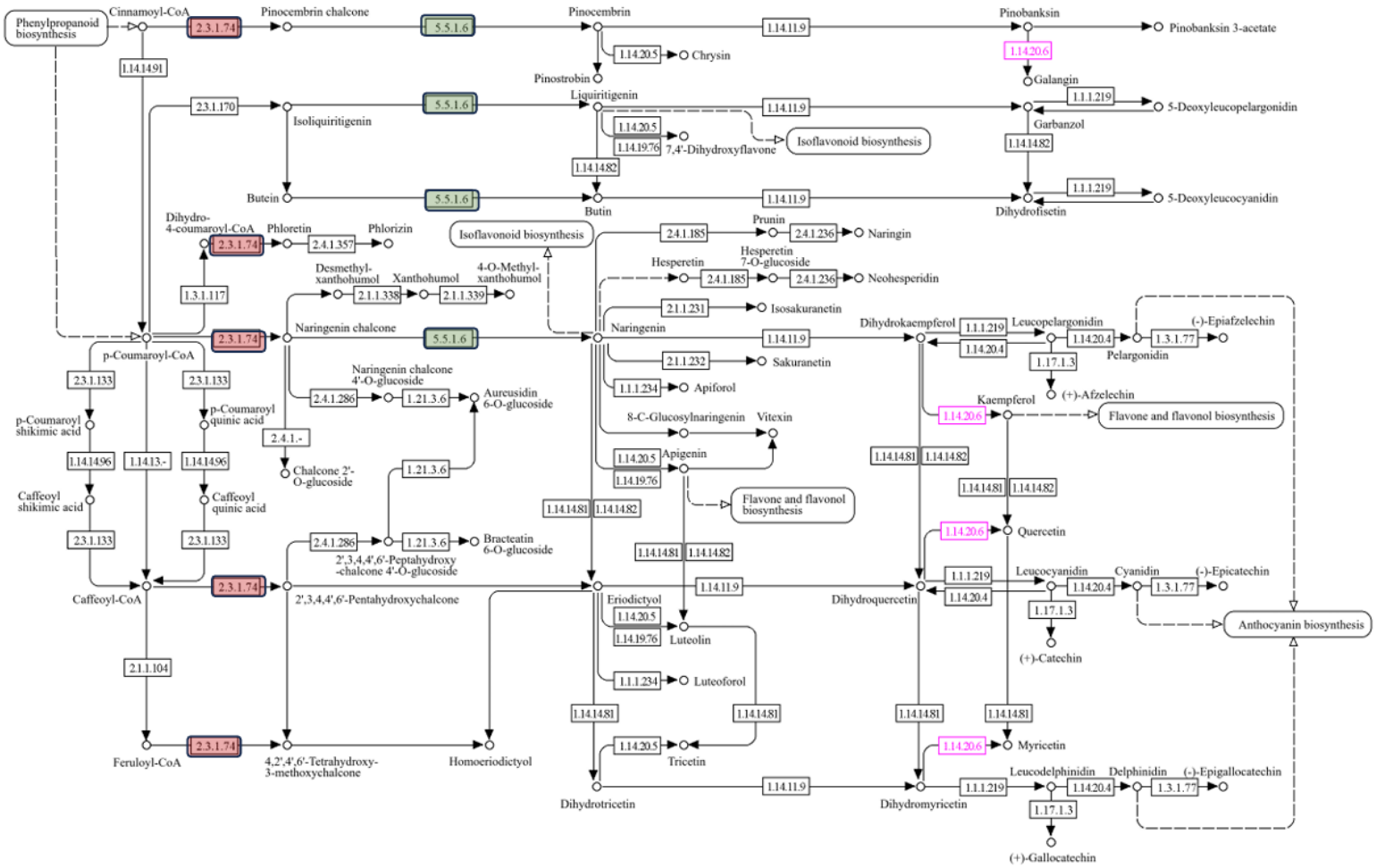
Soğuk stresine duyarlılık açısından farklılık gösteren dört soya fasulyesi (Augusta, Fiskeby V, Toyomusume ve *Glycine soja*) çeşidinin üşüme direncinde miRNA'ların ve hedef genlerinin rolünü inceleyen bir araştırmada, üç farklı dokuda toplam 321 bilinen miRNA ve 348 yeni miRNA keşfedilmiştir. Bunun yanı sıra stress koşullarında dört soya fasulyesi çeşidinde farklı stress duyarlılığı tespit edilen 162 bilinen miRNA ve 18 yeni miRNA'nın anlatımdaki farklılıklar da belirlenmiştir. miR156, miR169 ve miR5770 gibi birkaç miRNA'nın; Augusta, Fiskeby V ve *G. soja*'da benzer anlatım modellerine sahip olduğu görülmüştür. Bu durum soğuğa duyarlı Toyomusume çeşidi ile açıkça tezat oluşturmaktadır. Tespit edilen hedef genlerin çoğunun; reaktif oksijen türleri (ROS) temizleme, flavonoid biyosentezi ve ozmotik potansiyelin düzenlenmesi gibi bitki abiyotik stres tepki mekanizmalarıyla ilişkili olduğu bulunmuştur [63].

Soya fasulyesi için yapılan başka bir çalışmada; kök, kotiledon, yaprak ve tohum dokuları için miRNA düzenleyici ağları oluşturulmuş ve korunmuş ile doku özgü miRNA-hedef etkileşimleri ve alt ağları belirlenmiştir. Araştırma sonucunda 6 korunmuş gma-miRNA ailesiyle ilgili 205 korunmuş miRNA-hedef etkileşimi ve 24 köke özgü, 45 yaprağa özgü, 63 kotiledona özgü ve 225 tohuma özgü miRNA-hedef etkileşimi içeren 365 dokuya özgü miRNA-hedef etkileşim belirlenmiştir. Toplamda 156 miRNA bulunmasına karşın bunların içinden dokuya özgü olan sadece 18 miRNA tespit edilmiştir. Tespit edilen 18 miRNA'nın içinden ise yalnızca 3 miRNA'nın tutarlı şekilde dokuya özgü anlatım gösterdiği rapor edilmiştir [64].

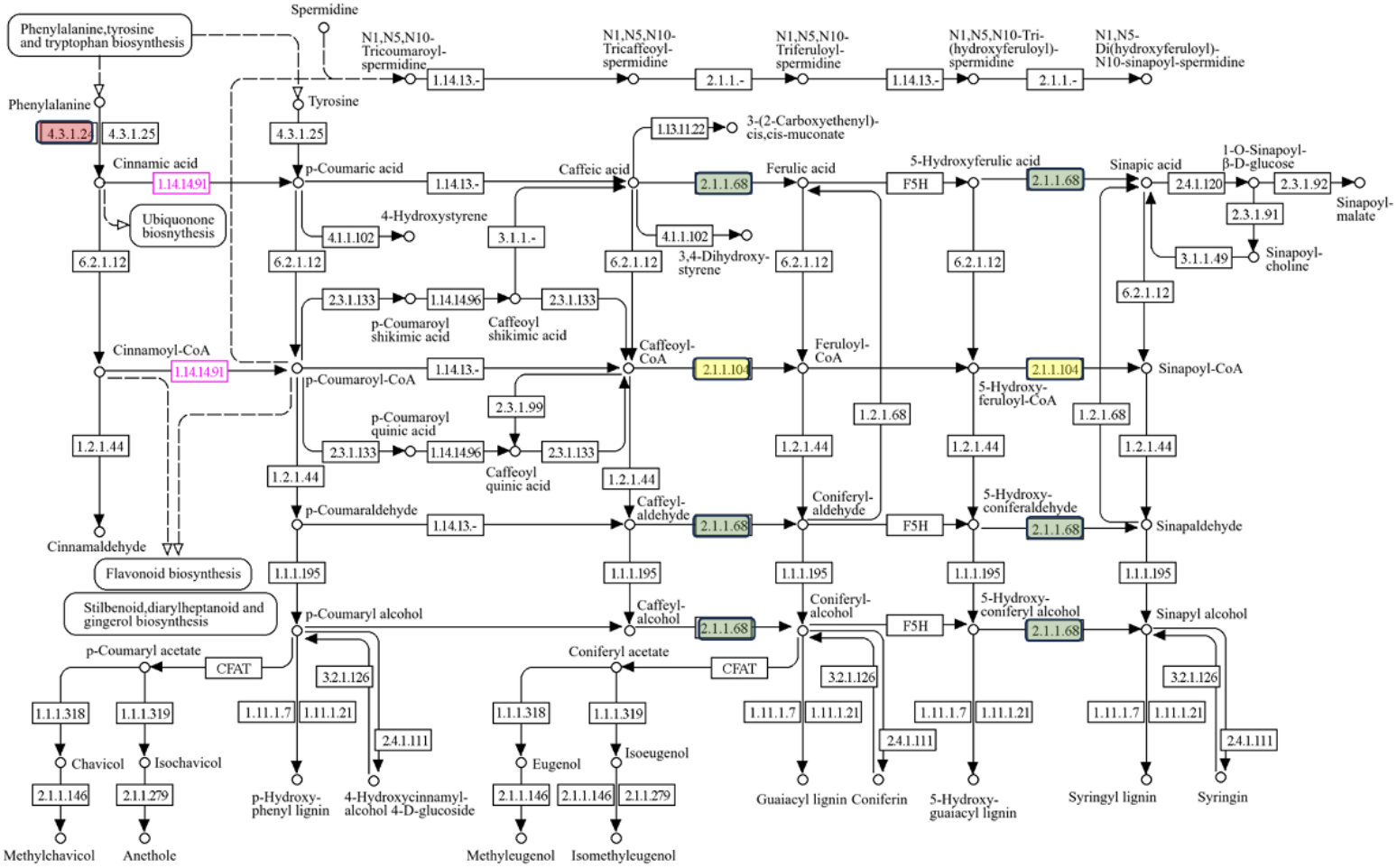
2.5 Sekonder Metabolitler

Bitki metabolitleri, primer ve sekonder olarak karakterize edilir. Karbonhidrat, lipit ve protein gibi primer metabolitler, bitkinin büyüme ve gelişmesinde doğrudan rol oynamaktadır. Sekonder metabolitler ise büyüme ve gelişme gibi temel yaşama fonksiyonlarında doğrudan rol almayan kuraklık, tuzluluk, mantar virüs gibi biyotik ve abiyotik streslerle mücadelede önemli savunma molekülleridir [65], [66], [67]. Sekonder metabolitler, biyosentetik yollarına göre genellikle fenolikler, terpenler ve alkoloidler olarak birkaç gruba ayrılır [68]. İlaç, kozmetik, tekstil, inşaat ve nutrasötik gibi çeşitli endüstrilerde yaygın olarak sekonder metabolitlerden yararlanılmaktadır [69], [70].

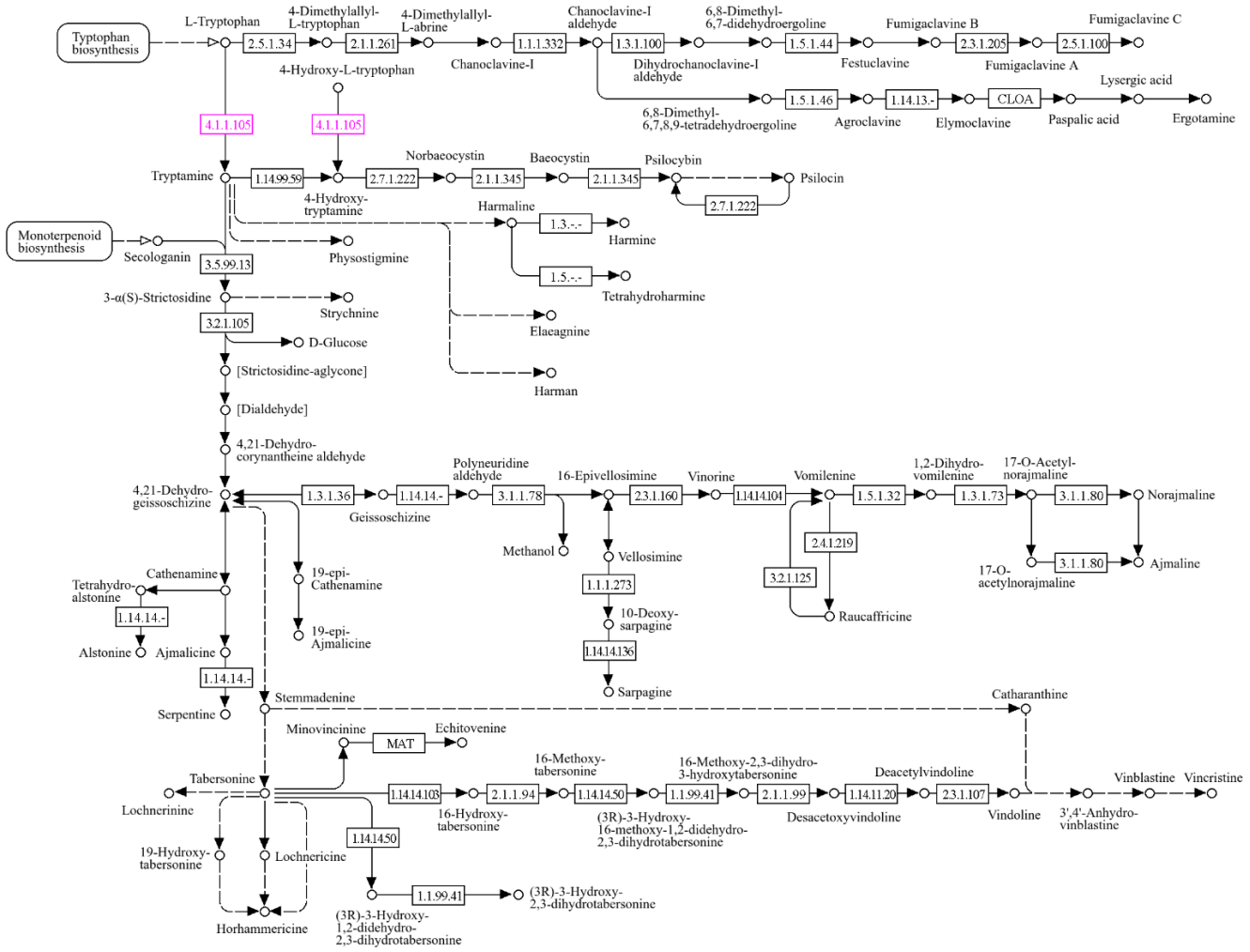
Bu tez çalışmasında kalkon sentaz (CHS)**,** kalkon İzomeraz (CHI**)**, flavonol sentaz (FLS), sinamat 4-Hidroksilaz (C4H), fenilalanin amonyum liyaz (PAL), aromatik L-Amino asit dekarboksilaz (AADC)**,** kafeik asit o-metiltransferaz (COMT) ve kafeoil-CoA O-metiltransferaz (CCoAOMT) olmak üzere 9 enzim analiz edildi. Bu enzimler içinden CHS, CHI ve FLS flavonoid biyosentezine katılan enzimlerdir (Şekil 2.1) Flavonoidlerin sentezine katkı sağlarlar ve çeşitli flavonoid türlerinin üretilmesinden sorumludurlar. Flavonoidler, antosiyaninler ve tanenler gibi fenolik bileşiklerin temel alt sınıflarıdır. Şikimik asit ve fenilpropanoid yolları ile sentezlenen ikincil metabolitlerdir [71]. Antimikrobiyal ve antioksidan özelliklere sahip olduklarından bakteri ve mantar gibi patojenik enfeksiyonlara ve ayrıca ROS'ların toksik etkilerine karşı bitkileri korurlar [72]. C4H, PAL, COMT ve CCoAOMT enzimleri ise fenilpropanoid yolakta yer alırlar ve çeşitli fenolik bileşiklerin üretiminde etkilidirler (Şekil 2.3). AADC enzimi ise ise indol alkaloid biyosentezinde rol oynar. Bu enzim, triptofanın indol alkaloidlere dönüşümünde önemlidir (Şekil 2.4) İndol, alkoloidlerin bir alt sınıfıdır. Alkaloidler yapılarında azot bulunan ve doğal metabolitlerdir [73]. *Papaveraceae* (haşhaş), *Ranuncalaceae* (düğün çiçeği), *Solanaceae* (patlıcangiller) ve *Amaryllidaceae* (nergis zambağı) yüksek alkaloid içeriğine sahip bitki türleri arasındadır [74]. Kafein, nikotin, kokain ve morfin gibi anksiyolitik, analjezik ve halüsinojenik etkilere sahip bileşikler, alkaloiddir [8].



Şekil 2.1. Flavonoid biyosentezi. Kırmızı, CHS; yeşil, CHI ve pembe, FLS (https://www.genome.jp/kegg/)



Şekil 2.2 Fenilpropanoid biyosentezi. Pembe, C4H; kırmızı, PAL; yeşil, COMT ve sarı, CCoAOMT (https://www.genome.jp/kegg/)



Şekil 2.3 İndol alkoloid biyosentezi. Pembe, AADC (https://www.genome.jp/kegg/

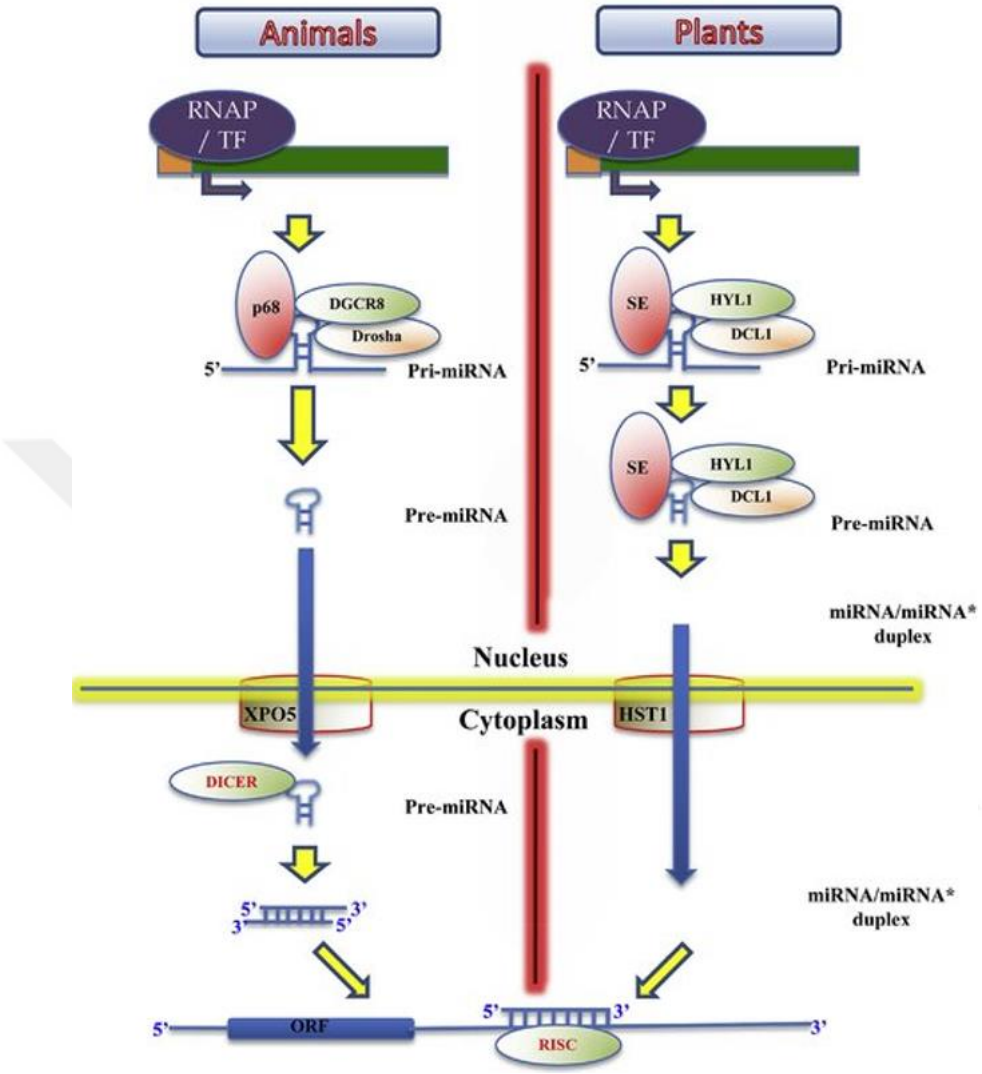
2.6 Mikro RNA

Mikro RNA’lar (miRNA), hedef mRNA'nın çoğunlukla 3′-UTR'sine bağlanarak mRNA’nın transkripsiyonel ya da translasyonel inhibisyonu veya bozulması yoluyla gen anlatımını düzenleyen ∼18-22 nt’lik kısa kodlamayan RNA’ların önemli bir sınıfıdır [75], [76]. İlk miRNA olan *lin-4, Caenorhabditis elegans*'ta keşfedildi [77]. Sonrasında yapılan çalışmalarda bitki, memeli ve organizmalarda pek çok miRNA keşfedildi. miRBase (Release 22, Jan 2019, http://www.mirbase.org/) veritabanında 271 türe dağılmış 38.589'dan fazla miRNA dizisi yer almaktadır. Tek bir miRNA, birden fazla mRNA’yı hedeflerken ayrıca bir mRNA da birden fazla miRNA tarafından hedeflenebilir [78]. miRNA'lar; genom bütünlüğünün korunması, birincil ve ikincil metabolizma, gelişim, sinyal iletimi, sinyal yolları, homeostazis, biyotik ve abiyotik strese adaptif yanıtlar gibi biyolojik süreçleri düzenler [6], [80].

2.6.1 miRNA Biyogenezi

Hem bitkiler de hem de hayvanlarda miRNA’ların biyogenezi çekirdekte başlar. miRNA’lar, DNA dizilerinden birincil miRNA’lara (pri-miRNA’lar) RNA polimeraz II (RNA Pol II) tarafından transkribe edillir. Pri-miRNA’lar, sap-ilmik (stem loop) yapısı içerir ve hem bitkilerde hem de hayvanlarda 5’ ucunda şapka 3’ ucunda poli A kuruğu içerir [80]. Nükleus içinde pri-miRNA transkripti Drosha ve DGCR8 katalitik bir kompleks olan mikroişlemci tarafından kesilir [81]. Bu kesme işlemi pre-miRNA adı verilen hairpin (saç tokası) yapısında yaklaşık ∼70 nt’lik RNA parçasının oluşturulmasıyla sonuçlanır (Şekil 2.4). Bitkilerde bu işlem DCL1 ve HYL1 ile HEN1 gibi diğer yardımcı bileşenlerin birlikte çalışmasıyla meydana gelir [82]. Çekirdekten exportin-5 aracılığı ile sitoplazmaya taşındıktan sonra olgun (mature) miRNA’lar üretmek için RNaz III enzimi olan Dicer, trans-aktivasyon yanıtı RNA bağlayıcı protein (TRBP) tarafından işlenerek dsRNA (çift zincirli RNA) oluşturulur [80]. Denaturasyona uğradıktan sonra bir zincirden oluşan olgun miRNA, Argonaute (AGO) proteini ile birlikte RISC'e (RNA kaynaklı susturma kompleksi) bağlanır [83]. miRNA’nın 5' ucunda yer alan 2-8 nt uzunluğunda seed (tohum) bölgesi arasındaki etkileşim yoluyla gen anlatım düzenlenmesine katılır. miRNA ve hedef mRNA'ların 3′-UTR'si, Watson-Crick tamamlayıcı dizisi ile miRNA'lar/mRNA hedefi arasında mükemmel eşleşme durumunda mRNA'nın bozulmasına

veya kusurlu eşleşme durumunda mRNA translasyonunun inhibe edilmesine yol açar [84].



Şekil 2.4 Hayvan ve bitki miRNA biyogenezi [85].

2.6.2 miRNA'ların Sekonder Metabolit Üretim Yolaklarını Düzenlemedeki Rolleri ve Önemi

miRNA'lar, biyotik ve abiyotik stresler altında çeşitli bitki süreçlerini düzenlemedeki rolleri nedeniyle yaygın olarak çalışılan moleküllerdir [86],[87]. Ayrıca flavonoidler, terpenoidler, alkaloidler ve diğer bazı bileşikler gibi bitki sekonder metabolitlerinin biyosentezinde de önemli rollere sahiptirler. Bu metabolitler konakçı bitkileri; rakiplere, avcılara, patojenlere ve ultraviyole ışığa karşı koruyarak bitkilerin çevresel ortama uyum sağlamalarına yardımcı olur.

Sekonder metabolitler; tıbbi olarak da oldukça önemlidirler [88],[89]. Ancak bu bileşiklerin üretimi bitkide belirli zamanlarda ve çok az miktarda olmaktadır. Bu nedenle araştırmacılar metabolit üretim yolaklarına müdahale ederek istenilen metabolit miktarlarını arttırmayı hedeflemektedirler. Bunun için ilk adım ise bu yolaklarda oldukça etkili olan miRNA'ların düzenleyici rollerinin belirlenmesidir [11].

Bu amaçla farklı bitkilerde birçok araştırmanın yapıldığı görülmektedir. Yapılan bir çalışmada, yaygın porsuk (*Taxus baccata*) bitkisinde paklitaksel biyosentez geni olan *taksan 13α hidroksilaz* ve *taksan 2α-O-benzoiltransferaz, taksan 13α hidroksilaz* ve *taksan 2α-O-benzoyltransferaz* genlerini hedefleyen miR-164 ve miR-171 dizileri tanımlandı [90]. Boke vd. [91], önemli bir tıbbi bitki olan haşhaş (*Papaver somniferum*) bitkisinde alkaloit biyosentezinin düzenlenmesinde miRNA'ların rollerini incelediler. Çalışmalarında benzilizokinolin alkaloidleri (BIA) biyosentezinde rol oynayan potansiyel miRNA'ları (pso-miR13, pso-miR2161 ve pso-miR408'i) tanımladılar. Ayrıca bitkideki morfin içeriğinin değiştirilmesinde bu miRNA'ların kullanılabileceğini de rapor ettiler. Diğer bir çalışmada, böcek herbivorları ve patojenlere karşı savunma metabolitleri olarak işlev gören glukozinolatların, jasmonat (JA) sentezini kontrol etmek için JAZ3 dahil olmak üzere jasmonate-ZIM domain (JAZ) JA ZIM alanı (JAZ) proteinleri ile etkileşen SPL9'u hedef alan miR156'nın düzenleyici rolü gösterildi [92]. Najafabadi ve Naghavi [93] ise galbanum adı verilen oleo-sakız reçinesi ile iyi bilinen tıbbi ve endüstriyel bir bitki olan *Ferula gummosa'*da terpenlerin üretiminde miRNA'ların rolünü, hesaplamalı yaklaşımlar kullanarak araştırdılar. miR-2919, miR-5251, miR-838, miR-5021 ve miR-5658 miRNA'larının terpen biyosenteziyle ilişkili olduğu bulundu ve ağ analizleri ile SPL7, SPL11 ve ATHB13 transkripsiyon faktörlerinin sırasıyla miR1533, miR5021 ve miR565 tarafından düzenlendiği belirlendi. Tıbbi önemi olan morsalkımda (*Withania somnifera*) yapılan bir çalışmada da endojen kök-miR5140, kök-miR159, yaprak-miR477 ve yaprak-miR530'da vitanolid biyosentezinin düzenlenmesinde etkili olan miRNA'lar rapor edildi [94]. Karabiberin (*Piper nigrum* L.) ana keskin ve temel biyoaktif bileşeni olan piperinin biyosentezinin moleküler mekanizmasını ve düzenleyici ağını açıklığa kavuşturmayı amaçlayan bir araştırmada, piperin biyosentezinde yer alan miR166-4CL, miR396-PER ve miR397-CCR modüllerini içeren hedefleriyle birlikte 3 miRNA tespit edildi [95]. Model bir bitki olan *Arabidopsis*'te transkripsiyon faktörü olan oksin yanıt faktörü CsARF8'i hedef alan miR167'nin *Camelina sativa*'da aşırı anlatımının, lignin biyosentezini düzenleyerek tohum boyutunu arttırdığı gözlemlendi [96]. Tam tersine Tirumalai vd. [97] tarafından üzümlerle

yapılan bir çalışmada ise miR828 ve miR858 dizilerinin antosiyanin birikimini baskılayıcı olduğu varsayılan MYB transkripsiyon faktörü VvMYB114'ü düzenlediği ve VvMYB114'ün susturulmasının, antosiyaninlerin ve flavonollerin üretimini arttırdığı belirlendi. Yapılan tüm bu çalışmalar miRNA'ların sekonder metabolit üretim yolaklarının düzenlenmesi ve bu yolaklara müdahale için teorik bilgi sağlamaktadır.

3
MALZEME VE YÖNTEM

Bu tez çalışmasında; tıbbi önemi olan kuşkonmaz (*Asparagus officinalis*), papaya (*Carica papaya*), dağ çileği (*Fragaria vesca*) ve soya fasulyesi (*Glycine max*) bitkilerinde, sekonder metabolit üretiminde önemli rol oynayan kalkon sentaz (CHS), kalkon izomeraz (CHI), flavonol sentaz (FLS), sinamat 4-hidroksilaz (C4H), fenilalanin amonyal-liyaz (PAL), aromatik L-amino asit dekarboksilaz (AADC), troponin redüktaz I (TRI), kafeik asit O-metiltransferaz (COMT), kafeoil – CoA O- metiltransferaz (CCoAOMT) olmak üzere toplam dokuz enzimi hedefleyen miRNA'lar *in siliko* yöntemler kullanılarak belirlendi. Bu amaçla belirlenen bitkilerde ortak olarak bulunan ve sekonder metabolit üretiminde etkili olan enzimler KEGG (https://www.genome.jp/kegg/) yolağı kullanılarak belirlendi. Enzimlerin nükleotit dizileri NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/) veri tabanından elde edildi. Daha sonra, miRBase (Versiyon 22, https://mirbase.org) veri tabanından ilgili bitkilerin olgun miRNA'ları indirildi. Bu miRNA dizilerinin hedef genleri RNA Hybrid (https://bibiserv.cebitec.uni-bielefeld.de/rnahybrid) programı kullanılarak tanımlandı. Sonrasında filogenetik ağaç oluşturulması için kullanılmak üzere Clustal Omega (https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/) ile miRNA'lar hizanladı. MEGA 11 programı kullanılarak diziler arasındaki evrimsel ilişki incelendi.

3.1 Enzimlerin Belirlenmesi

Çalışmada kullanılacak olan sekonder metabolitlere ait enzimler KEGG yolağı kullanılarak belirlendi. KEGG sayfasına girdikten sonra ilgili metabolit arama motoruna yazıldı. Çıkan sayfada genler kısmında birçok bitki ve canlının organizma isimlerinin kısa kodlu halleri mevcuttur (Örneğin *Fragaria vesca* için fve). Araştırılacak bitkinin organizma ismi buradan bulundu ve tıklandı. Açılan sayfada enzim adı, organizma adı, ilgili sekonder metabolitin yolağı gibi bilgiler bulunmaktadır. Bu işlem tüm metabolitler ve bitki türleri için gerçekleştirilerek enzimler belirlendi.

3.2 Olgun miRNA'ların Belirlenmesi

mirBase veri tabanından (Versiyon 22) kuşkonmaz, papaya, dağ çileği ve soya fasulyesi bitkilerine ait olgun miRNA dizileri elde edildi [98]. Analizlerin doğruluğunu etkileyen tekrarlı

diziler, her bir miRNA için tek bir dizi olacak şekilde elendi. Elde edilen olgun miRNA dizileri ile sonraki analizler gerçekleştirildi.

3.3 miRNA Hedef Genlerinin Belirlenmesi

İlgili bitkilerde tanımlanan olgun miRNA'ların sekonder metabolit üretimindeki enzimleri hedefleyip hedeflemediği, RNA Hybrid algoritması kullanılarak belirlendi. Elde edilen potansiyel miRNA hedef genler aşağıdaki kriterler dikkate alınarak doğrulandı.

- **i.** Hedef miRNA ile potansiyel miRNA arasında 4 nt'ten fazla yanlış eşleşme olmamalı,
- **ii.** Yanlış eşleşme miRNA'nın 5' ucundan itibaren 10. ve 11. pozisyonlarında olmamalı,
- **iii.** miRNA'nın 5' ucundan itibaren 1. ve 9. pozisyonları arasında 1 nt'ten fazla yanlış eşleşme olmamalı,
- **iv.** Hedef miRNA'nın karşısındaki potansiyel miRNA'da boşluk olmamalı,
- **v.** Hedef miRNA ile potansiyel miRNA arasındaki herhangi bir bölgede yan yana 2 nt'ten fazla yanlış eşleşme olmamalı,
- **vi.** miRNA'nın 5' ucundan itibaren 2-7 ve/veya 8-13 nt bölgesi için MFE değeri ≤ -20 kcal mol^{-1} olmalıdır. Yanlış pozitif sonuçların elenmesinde bu kriterler kullanıldı [99].

miRNA'ların hedef enzim dizilerine bağlandığı noktalar ve elde edilen sonuçların MFE değerleri, Phyton programlama dili kullanılarak bir dağılım grafiği çizildi. Bu amaçla, Google colabın (https://colab.research.google.com/) Pyhton çalışma ekranı seçildi. İlk olarak kütüphaneler çalışma sayfasına dahil edildi. Dağılım grafiği oluşturmak için iki kütüphaneye ihtiyaç vardır: Pandas kütüphanesi ve matplotlib kütüphanesi. Pandas kütüphanesi hem dataframe hem de serilerle çalışmaya izin veren bir kütüphanedir. Datafreamler excel dosyası gibi satır ve sütunlardan oluşurken seriler sadece satırlardan oluşmaktadır [100]. Matplotlib kütüphanesi grafik çizmek için gerekli fonksiyonları içeren bir kütüphanedir [101]. Kütüphaneler import komutu ile çalışma sayfasına dahil edilir.

import pandas as pd

import matplotlib.pyplot as plt komutları ile Colap ekranına veri setleri yüklendi. Veri setleri papaya, dag_çileği, soya ve kuskonmaz olarak adlandırılan dört csv dosyası şeklinde oluşturuldu. Her veri setinin içine ilgili bitkinin miRNA'sının hedefe bağlanma konumu ve MFE değerlerini içeren iki sütunlu bir dosya kaydedildi. Veri setlerini çalışma ekranına

eklemek için her bir csv dosyası için bir nesne atandı. Örneğin papaya.csv dosyası için atanan nesne papaya olacak şekilde atama yapıldı. Bu atama işlemi için read_csv fonksiyonu kullanılarak gerçekleştirildi. Dört dosya içinde aynı işlem yapıldı.

papaya= pd.read_csv("papaya.csv")

dag_cilegi= pd.read_csv("dag_cilegi.csv")

soya= pd.read_csv("soya.csv")

kuskonmaz= pd.read_csv("kuskonmaz.csv")

Yüklenen dosyanın içindeki ilk beş veriyi görmek için *head()* komutu kullanıldı. Örneğin *papaya.head()* komutu ile papaya dosyasının içindeki ilk beş satır elde edildi (Şekil 2.5).

	mfe	pozisyon
0	-25.1	665
1	-31.2	1164
2	-24.4	792
3	-36.2	702
4	-26.8	871

Şekil 2.5 Papaya verisinin ilk beş satırı

X ve y eksenlerinden oluşan iki boyutlu bir grafik oluşturulacağı için x ekseni pozisyon değerlerini y ekseni de MFE değerlerini temsil edecek şekilde ayarlama yapıldı. Bunun için her bir verinin x ve y koordinatları belirlendi. İlk olarak çilek verisi için bir koordinat adı belirlendi. Bu koordinat adı *cilek_x*'dir. Sonrasında bu koordinata atanacak veri belirlendi. Öncelikle çileğin verilerini içeren çilek dosyasının adı sonrasında da x koordinatına atanacak sütunun adı köşeli parantez içinde yazıldı. Bu işlem diğer üç veri için de tekrarlandı.

cilek_x=cilek["pozisyon"]

cilek_y=cilek["mfe"]

kuşkonmaz_x=kuşkonmaz["pozisyon"]

kuşkonmaz_y=kuşkonmaz["mfe"]

papaya_x=papaya["pozisyon"]

papaya_y=papaya["mfe"]

soya_x=soya["pozisyon"]

soya_y=soya["mfe"]

plt.figure(figsize=(12,8)) komutu ile grafiğin boyutları belirlendi. Bu fonksiyon matplotlib kütüphanesinin bir fonksiyonu olan figür fonksiyonu ile yapıldı. Sonrasında *plt.scatter(x,y,label,color)* komutu ile grafik oluşturuldu. X komutu grafikteki noktaların x eksenindeki koordinatlarını belirler. Y komutu grafikteki noktaların y eksenindeki koordinatlarını belirler. Grafik üzerindeki hangi verilerin neyi temsil ettiğini belirlemek için *label* komutu kullanılır. *Color* ise grafikteki noktaların rengini belirler.

plt.scatter(cilek_x,cilek_y,label="Çilek", color="orange")

plt.scatter(kuşkonmaz_x,kuşkonmaz_y,label="Kuşkonmaz", color="green")

plt.scatter(papaya_x,papaya_y,label="Papaya", color="blue")

plt.scatter(soya_x,soya_y,label="Soya", color="red",)

Son olarak plt.show() komutu ile grafik görselleştirildi.

3.4 Filogenetik Analiz

CHS, CHI, FLS, C4H, PAL, AADC, TRI, COMT ve CCoAOMT enzimlerini kuşkonmaz, papaya, dağ çileği ve soya fasulyesi bitkilerinde hedefleyen olgun miRNA dizileri arasındaki evrimsel ilişkinin belirlenmesi için Clustal Omega [https://www.ebi.ac.uk/jdispatcher/msa/clustalo] programı ile hizalama yapıldı. Hizalama sonrasından elde edilen sonuçlar ile MEGA 11 [102] programı kullanılarak filogenetik ağaç oluşturuldu. Filogenetik ağaç oluşturulurken Neighbour-Joining (NJ)" metodu ve "p distance" modeli kullanıldı ve "bootstrap (BS)" analizleri 1000 tekrar ile gerçekleştirildi. Buradan elde edilen filogenetik ağaçlar iTOL (Interactive Tree Of Life) programı kullanılarak renklendirildi [103].

4
BULGULAR

Bu tez çalışmasında *in siliko* yöntemler kullanılarak kuşkonmaz, papaya, dağ çileği ve soya fasulyesi bitkilerinde ortak olarak bulunan CHS, CHI, FLS, C4H, PAL, AADC, TRI, COMT ve CCoAOMT olmak üzere flavonoid, fenolik asit, alkoloid, terpenoid, koumarin ve stilben sekonder metabolitlerini sentezleyen dokuz enzim ile analizler gerçekleştirildi. Bu enzimleri hedef alan miRNA dizileri bu bitkilerin genomlarında belirlendi. Belirlenen miRNA dizileri arasındaki evrimsel ilişki değerlendirildi.

4.1 Enzimlerin ve Bitkilerin Belirlenmesi

KEGG yolağı arama motoru kullanlarak flavonoid, fenolik asit, alkaloid, terpenoid, kumarin ve stilben sekonder metabolitlerinin sentez yolaklarına dahil olan 36 tane enzim belirlendi. Bu enzimleri sentezleyen tıbbi önemi olan 118 bitki yine KEGG yolağı aracılığıyla listelendi. Bitkiler ve enzimler içinden tıbbi önemi olan ve en fazla sayıda ortak enzimi sentezleyen bitki ve enzimler filtrelendi. Bunun sonucunda dört bitkide; dağ çileği (*Fragaria vesca*) (fve), papaya (*Carica papaya*) (cpa), kuşkonmaz (*Asparagus officinalis*) (aof) ve soya (*Glycine max*) (gma), 9 tane ortak enzim (kalkon sentaz, EC:2.3.1.74; kalkon izomeraz, EC:5.5.1.6; flavonol sentaz, EC:1.14.20.6; sinamat 4-hidroksilaz, EC:1.14.14.91; fenilalanin amonya-liyaz, EC:4.3.1.24; aromatik L-amino asit dekarboksilaz, EC:4.1.1.28 4.1.1.105; troponin redüktaz I, EC:1.1.1.206; kafeik asit O-metiltransferaz, EC:2.1.1.68; ve kafeoil-CoA O-metiltransferaz, EC:2.1.1.104) belirlendi.

4.2 miRNA Dizilerinin Elde Edilmesi

Olgun diziler, öncül dizilere kıyasla daha korunmuş olduğu için olgun miRNA diziler ile analizler gerçekleştirildi. Bu amaçla, miRBase veri tabınından bitkilere ait olgun miRNA dizileri indirildi. Excel dosyasına aktarılan dizilerin tekrarlı olup olmadığı kontrol edildi ve tekrarlı diziler silindi. Sonuçta; kuşkonmaza (aof-miRNA) ait 100 (Tablo 4.1), papayaya (cpa-miRNA) ait 52 (Tablo 4.2), dağ çileğine (fva-miRNA) ait 101 (Tablo 4.3) ve soya fasulyesine ait (gma-miRNA) 565 (Tablo 4.4.) olgun miRNA dizisi elde edildi ve analizler bu diziler üzerinden gerçekleştirildi.

Tablo 4.1 Dağ çileği bitkisinin olgun miRNA dizileri

>fve-miR159a-3p MIMAT0044488 UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	>fve-miR164b MIMAT0044497 UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	>fve-miR171f-5p MIMAT0044526 CGAUGUUGGUGAGGUUCAAUC	>fve-miR11296 MIMAT0044579 UUUUUGAUGGCUGGAAUCCAGU
>fve-miR11287 MIMAT0044568 UCAGGGAUUGUUUCAUAGACC	>fve-miR11286 MIMAT0044567 UUGGAGAGAGAGUAGACAAUG	>fve-miR11288c-3p MIMAT0044570 UGAAUUGGGAUUUGUCGAAUU	>fve-miR396a-5p MIMAT0044546 UUCCACAGCUUUCUUGAACUG
>fve-miR11299 MIMAT0044582 CAAAUAGGGUUGGCUGAUACU	>fve-miR2109 MIMAT0044531 UGCGAGUGUCUUCACCUCUGAA	>fve-miR3627b MIMAT0044538 UCGCAGGAGAGAUGGCACUACC	>fve-miR162-5p MIMAT0044493 GGAGGCAGCGGUUCAUCGAUC
>fve-miR11314 MIMAT0044598 AGAGUUGUGGAUGCUAUGAAU	>fve-miR11309 MIMAT0044592 UUUGUUUGGCAUGCAGUUGGC	>fve-miR156e MIMAT0044479 UUGACAGAAGAGAGUGAGCAC	>fve-miR11306 MIMAT0044589 CUACCGAAGAACUUUGCAAAAG
>fve-miR11289 MIMAT0044571 UGCUUCAAGUCUGGCCAAUACU	>fve-miR156j MIMAT0044486 UUGACGGAAGAGAGCGAGCAC	>fve-miR11292 MIMAT0044575 UUGUAGUUCAGCGCCUCCGCC	>fve-miR11303 MIMAT0044586 UCAAACAUCACUGCAGCUGUA
>fve-miR482a MIMAT0044557 UCUUUCCAAUUCCUCCCAUGCC	>fve-miR390a MIMAT0044539 AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	>fve-miR11298 MIMAT0044581 UUGAGGGGCUUAACGAUUACC	>fve-miR169d MIMAT0044515 UAGCCAAGGAUGACUUGCCU
>fve-miR11284 MIMAT0044473 UUCGUGAUCUGCGAAAGGCUC	>fve-miR166d-5p MIMAT0044502 GGGAAUGUCGUCUGGUUCGA	>fve-miR169f MIMAT0044517 UGAGCCAAGAAUGACUUGCUG	>fve-miR156h MIMAT0044484 UGACAGAAGAGAGUGAGCUC
>fve-miR11297 MIMAT0044580 CAGACAAGAUCGAUCUCGCCU	>fve-miR11312 MIMAT0044595 UGGAGCUGUUGGGGAGAGUUA	>fve-miR11293 MIMAT0044576 UUCUUCCUCAGGAACCUCCACC	>fve-miR169e MIMAT0044516 UGAGCCAAGGAUGACUUGCCU
>fve-miR11300 MIMAT0044583 CAACAUCACUGUUCUCUUCCU	>fve-miR11288e MIMAT0044601 UGAAGUGGGAUUUGGCGAAUU	>fve-miR160b MIMAT0044491 UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	>fve-miR11288b MIMAT0044599 UGGGAUUGGGCGAAUUUUGGU
>fve-miR477a MIMAT0044556 ACUCUCCCUCAAGGGCUUCUC	>fve-miR162-3p MIMAT0044494 UCGAUAAACCUCUGCAUCCAG	>fve-miR164c MIMAT0044498 UGGAGAAGCAGGGCACAUGCU	>fve-miR171c-5p MIMAT0044522 AGAUAUUGGUGCGGUUCAAUC
>fve-miR408 MIMAT0044555 UGCACUGCCUCUUCCCUGGCU	>fve-miR164a-3p MIMAT0044496 CACGUGCUCCCCUUCUCCAAC	>fve-miR11290 MIMAT0044572 UCGUCGACAUCAAAGGGCACC	>fve-miR167d MIMAT0044506 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUCA
>fve-miR535a MIMAT0044563 UGACGAUGAGAGAGAGCACGC	>fve-miR396b-3p MIMAT0044545 GCUCAAGAAAGCUGUGGGACA	>fve-miR156d MIMAT0044480 UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	>fve-miR1511 MIMAT0044475 ACCUAGCUCUGAUACCAUGUG
>fve-miR845 MIMAT0044566 AACCGGCUCUGAUACCAAUUG	>fve-miR11304 MIMAT0044587 UAGUGUUUCAGCUUGACAAG	>fve-miR172a MIMAT0044530 AGAAUCUUGAUGAUGCUGCAU	>fve-miR156f MIMAT0044481 UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC
>fve-miR171h MIMAT0044524 UUGAGCCGCGUCAAUAUCUCC	>fve-miR168-3p MIMAT0044511 CCCGCCUUGCAUCAACUGAAU	>fve-miR11302 MIMAT0044585 AGGACCGCCAUCACGUUUUGG	>fve-miR530 MIMAT0044562 UGCAUUUGCACCUGCACCUCU
>fve-miR393a MIMAT0044542 UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC	>fve-miR156i MIMAT0044485 UGACAGAAGAUAGAGAGCAC	>fve-miR482d MIMAT0044560 UUCCCUAUUCCACCUAUUCCCC	>fve-miR156g-3p MIMAT0044483 GCUCUCUAUGCUUCUGUCAUC
>fve-miR399a MIMAT0044553 UGCCAAAGGAGAGUUGCCCUG	>fve-miR166b MIMAT0044501 UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	>fve-miR11285 MIMAT0044474 UCUAUUCAAAGAGAUGACUGUU	>fve-miR11283 MIMAT0044472 AGGCUUUGUAGAGGAUGGAAU

Tablo 4.1 Dağ çileği bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>fve-miR482b MIMAT0044558 UCUUUCCUAGUCCUGCCAUUCC	>fve-miR319 MIMAT0044536 UUUGGACUGAAGGGAGCUCCU	>fve-miR397 MIMAT0044552 UCAUUGAGUGCAGCGUUGAUG	>fve-miR11307 MIMAT0044590 UAAGCGACGGACUCCAAUCGC
>fve-miR11294 MIMAT0044577 UUCACCUGGACCAUAACUGACC	>fve-miR168-5p MIMAT0044510 UCGCUUGGUGCAGGUCGGGAA	>fve-miR11313 MIMAT0044597 GAAAAGAAUGGACUCUCCGGGG	>fve-miR5225 MIMAT0044561 CUGUCGUAGGAGAGAUGGCGCC
>fve-miR11291 MIMAT0044574 UUGCGGUCUUGUCUCUUCCAAU	>fve-miR11308 MIMAT0044591 UAAGUUAGGAUUCUAGUUACC	>fve-miR11311 MIMAT0044594 UGAGAAUGAUGUGGAUCUCAGC	>fve-miR477b MIMAT0044596 CGCGCACCCGUUCAUCUUCGC
>fve-miR394 MIMAT0044543 UUGGCAUUCUGUCCACCUCC	>fve-miR171b MIMAT0044525 CGAGCCGAACCAAUAUCACUC	>fve-miR171f-3p MIMAT0044527 UUGAGCCGCGCCAAUAUCACU	>fve-miR396b-5p MIMAT0044544 UUCCACAGCUUUCUUGAACUU
>fve-miR827 MIMAT0044565 UUAGAUGACCAUCAACAAACA	>fve-miR11288a MIMAT0044573 UGGGAUUUGGCGAAUUGUGGU	>fve-miR11315 MIMAT0044602 CUAGUCAUUGGUCAUAGCAUC	>fve-miR2111b-3p MIMAT0044535 GCCCUUGGGAUGCGGAUUACC
>fve-miR11295 MIMAT0044578 CUCAUUCAAUUUCGGUAUUCAG	>fve-miR11288c-5p MIMAT0044569 UUCGUUCGGAUUCCAAUUCAAA	>fve-miR399b MIMAT0044554 AGCCAAAGGAGAAUUGCCCUG	>fve-miR171a MIMAT0044518 UGAUUGAGCCGUGCCAAUAUC
>fve-miR11305 MIMAT0044588 UUUUGGUCCGAAUCCGAGCUCC	>fve-miR11310 MIMAT0044593 AGGGAUCACAACUCCAGUGCU	>fve-miR393b MIMAT0044541 UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUCU	>fve-miR11288d MIMAT0044600 UCCAUCGUUUUGAGACACAGG
>fve-miR159c MIMAT0044490 AUUGGAUUGAAGGGAGCUCCC	>fve-miR482c MIMAT0044559 UCUUUCCUAUUCCUCCCAUCCC	>fve-miR2111b-5p MIMAT0044534 UAAUCUGCAUCCUGAGGUUU	>fve-miR396e MIMAT0044551 UUCCACAGGCUUUCUUGAACU
>fve-miR11301 MIMAT0044584 UCAGAGUUGUAAUAUAUUGAU	>fve-miR159a-5p MIMAT0044487 GAGCUCCUUGAAGUCCAAUAG	>fve-miR396a-3p MIMAT0044547 GUUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	>fve-miR167a MIMAT0044509 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU
>fve-miR159b MIMAT0044489 AUUGGAUUGAAGGGAGCUCUC			

Tablo 4.2 Papaya bitkisinin olgun miRNA dizileri

>cpa-miR8152 MIMAT0031849 UUGGACUGCUAGGUGGCCCAU	>cpa-miR172a MIMAT0031810 GGGAAUCUUGAUGAUGCUGCA	>cpa-miR390a MIMAT0031812 AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	>cpa-miR8145 MIMAT0031842 AUAAACAGAUAGAAUGACAGCCUU
>cpa-miR166d MIMAT0031799 UCGGACCAGGCUUCAUUCCCG	>cpa-miR160f-3p MIMAT0031790 GCGUAUGAGGAGCCAUGCAUA	>cpa-miR162a MIMAT0005567 UCGAUAAACCUCUGCAUCCAG	>cpa-miR477 MIMAT0031828 AUUGGAGGACUUUGGGGGAGC
>cpa-miR8140 MIMAT0031837 CUUUUCAAGACUUCAGCUUCA	>cpa-miR8139e MIMAT0031836 UCCUGGCUGAGGACGGGUGUUGAA	>cpa-miR171b MIMAT0031807 UGAUUGAGCCGUGCCAAUAUC	>cpa-miR167b MIMAT0031802 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA
>cpa-miR8144 MIMAT0031841 AACAGUAGAACGAGUUAGAAAGGA	>cpa-miR535 MIMAT0031824 UGACAACGAGAGAGAGCACGC	>cpa-miR156b MIMAT0031775 UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	>cpa-miR8134 MIMAT0031825 UGAGAAUUAUGCGGAGGAUGU
>cpa-miR5211 MIMAT0031851 GUGCCGUCGCACUGUGACAAG	>cpa-miR408 MIMAT0031823 CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	>cpa-miR398 MIMAT0031826 GGGACGACAUGAGAUCACACG	>cpa-miR395b MIMAT0031818 UGAAGUGUUUGGGGGAACUC
>cpa-miR8146 MIMAT0031843 AGGAAGACGGUGAGUAGAAGCCAA	>cpa-miR8155 MIMAT0031853 UAACCUGGCUCUGAUACCA	>cpa-miR164a MIMAT00317991 UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	>cpa-miR8135 MIMAT0031827 AGGAUUUUGCAGGGUUGAU
>cpa-miR319 MIMAT0031782 AUUGGACUGAAGGGAGCUCC	>cpa-miR8151 MIMAT0031848 UGGAUACCAGUAGACAGAUA	>cpa-miR8148 MIMAT0031845 UGACUGGGUCUGCUGACGUGGCAU	>cpa-miR8141 MIMAT0031838 UGGAUACUAGUAGGCUGGUU
>cpa-miR8153 MIMAT0031850 UGCACUGUAGAGCCGUAUUCGGAC	>cpa-miR159a MIMAT0031780 UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	>cpa-miR8154 MIMAT0031852 CAGAGGAGGAGAUGAAGAGGGA	>cpa-miR160c-5p MIMAT0031785 UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA
>cpa-miR8137 MIMAT0031830 UUCGCCAGCCAUUCACAAAAU	>cpa-miR8150 MIMAT0031847 AAAACCUGAGUCAGAUGAUGAGCG	>cpa-miR393 MIMAT0031814 UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUCC	>cpa-miR166b MIMAT0031797 UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC
>cpa-miR169 MIMAT0031805 CAGCCAAGAAUGACUUGCCG	>cpa-miR166e MIMAT0031800 GGACCAGGCUUCAUUCCCC	>cpa-miR8142 MIMAT0031839 UGAGGUAAGUAGACAGUAAAGGUU	>cpa-miR8149 MIMAT0031846 AGCGAAGGGGACGCCUGAAGACUC
>cpa-miR8138 MIMAT0031831 UAAAGAUGGUAACAAAGGAUAA	>cpa-miR396 MIMAT0031822 UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	>cpa-miR167d MIMAT0031804 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA	>cpa-miR8143 MIMAT0031840 GAGAGAUGGUGGACAGAUCAGGUA
>cpa-miR160d MIMAT0031787 UGCCUGGCUCCCUGAAUGCCA	>cpa-miR164d MIMAT0031794 UGGAGAAGGGGAGCACGUGCA	>cpa-miR8136 MIMAT0031829 UAAAGUGGAAUUGGGAUAAUA	>cpa-miR156e MIMAT0031778 UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC
>cpa-miR8147 MIMAT0031844 ACUGAUACUUGAUGAAUUUGCAUG	>cpa-miR159b MIMAT0031781 CUUGGAUUGAAGGGAGCUCC	>cpa-miR167c MIMAT0031803 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUU	>cpa-miR394a MIMAT0031815 UUGGCAUUCUGUCCACCUCC

Tablo 4.3 Kuşkonmaz bitkisinin olgun miRNA dizileri

>aof-miR8155 MIMAT0049817 GUAACCUGGCUCUGAUACCA	>aof-miR399a MIMAT0049806 UGCCAAAGGAGAGUUGCCCUG	>aof-miR399c MIMAT0049760 GGGCACCUCGUCAUUGGCAGG	>aof-miR12143 MIMAT0049726 UCGGGUGCAGUUGGAUCUGCG
>aof-miR12150 MIMAT0049733 UUAACAGCAUUGUCGAAAAGC	>aof-miR12155 MIMAT0049738 UGUGUAUGGACGAGAACCGGC	>aof-miR12169 MIMAT0049754 UAGGAGUUAUUGGAUUGGGUU	>aof-miR2275d MIMAT0049747 AGAAUUAGAGGAUUGCAAACC
>aof-miR5139b MIMAT0049818 AUCAACCUGGCUCUGAUACCA	>aof-miR171c MIMAT0049787 UUGAGCCGCGUCAAUAUCUCC	>aof-miR12168 MIMAT0049753 UUUGAUUAUUGGAUUGUUGCCU	>aof-miR12144 MIMAT0049727 UUCACGGCGUUCUCGAACUCC
>aof-miR12161 MIMAT0049744 CGAGUUUUCACGUUUGGGCGA	>aof-miR12159 MIMAT0049742 UUCCGAGUGAAGAAUCGUUGCU	>aof-miR12170 MIMAT0049755 UAAGAACUCAUGAAUAAAUGCA	>aof-miR396b MIMAT0049804 UUCCACAGCUUUCUUGAACUG
>aof-miR319b MIMAT0049796 UUUGGACUGAAGGGAGCUCCU	>aof-miR172 MIMAT0049788 AGAAUCUUGAUGAUGCUGCAU	>aof-miR408 MIMAT0049808 UGCACUGCCUCUUCCCUGGCU	>aof-miR477b MIMAT0049758 AUCUCUCUCCCUCAAAGGCUCU
>aof-miR12142 MIMAT0049725 UAUUUUCGAGACAGUUGUAAC	>aof-miR160a MIMAT0049769 UGCCUGGCUCCCUGAAUGCCA	>aof-miR12149 MIMAT0049732 UGCUUCUUUGAUCGAUACGUCU	>aof-miR12137 MIMAT0049720 CAUCCUUCAAGAUCGAGGUCU
>aof-miR394 MIMAT0049800 UUGGCAUUCUGUCCACCUCC	>aof-miR12147 MIMAT0049730 UCGAGAUGUGAAGGACUUUGU	>aof-miR12154 MIMAT0049737 UUGUGGAUUCUUCAAAUGAGU	>aof-miR479 MIMAT0049811 UGAGCCGAACCAAUAUCACUC
>aof-miR2275c MIMAT0049794 UUUGAUUUCCUCCAAUAUCUCA	>aof-miR396a MIMAT0049803 UUCCACGGCUUUCUUGAACUG	>aof-miR171b MIMAT0049786 UUGAGCCGCGCCAAUAUCACU	>aof-miR156a MIMAT0049765 UGACAGAAGAGAGUGAGCAC
>aof-miR2118c MIMAT0049790 UUUCCGAUGCCACCCAAUCCUU	>aof-miR482a MIMAT0049812 UUUCCAAUGCCUCCCAUUCCGG	>aof-miR12175 MIMAT0049762 UUGGAUCAGUUUCAUCAGAAG	>aof-miR12162 MIMAT0049745 UUUAGUCUGAUUUAGUAAAAU
>aof-miR319a MIMAT0049795 UUGGACUGAAGGGAGCUCCCU	>aof-miR168b MIMAT0049781 UCGCUUGGUGCAGGUCGGGUC	>aof-miR12141 MIMAT0049724 CACCUUAACUCGUACCUGUUAG	>aof-miR12163 MIMAT0049746 AUUCCGCUCGUUUGACUCUAG
>aof-miR12139 MIMAT0049722 CGAAUCAAACACAUUGUCGAG	>aof-miR160c MIMAT0049771 UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	>aof-miR12165 MIMAT0049750 UGCACUUGGUCGCUCAAUGAC	>aof-miR535 MIMAT0049815 UGACAACGAGAGAGAGCACGC
>aof-miR160b MIMAT0049770 UGCCUGGUUCCCUGUAUGCCA	>aof-miR12176 MIMAT0049763 UUCUAGUAGCAUUGCAUGGAC	>aof-miR167c MIMAT0049779 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	>aof-miR156b MIMAT0049766 UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC
>aof-miR12174 MIMAT0049761 CGUUUUCUUGGAUUGAUAGAGA	>aof-miR12173 MIMAT0049759 UAUGAAUUUCCGCUGUAGUUU	>aof-miR12146 MIMAT0049729 UCUGCAGUAGAUACACACUG	>aof-miR166a MIMAT0049773 UCUCGGACCAGGCUUCAUUCC
>aof-miR12158 MIMAT0049741 UUGGUAUCUGGAUUGUAUAGC	>aof-miR12160 MIMAT0049743 UUUCCAGACAUCUUCGUCAAGC	>aof-miR536 MIMAT0049816 UCGUGCCACGCUGUGUGCGUC	>aof-miR395b MIMAT0049802 AUGAAGUGUAUGGGGGAACUC
>aof-miR5139a MIMAT0049814 GAAACCUGGCUCUGAUACCA	>aof-miR12156 MIMAT0049739 CUCUGUAGAUGUCGCGAUGGA	>aof-miR12153 MIMAT0049736 GGCCAAAAUGGACGUAGUGUC	>aof-miR166d MIMAT0049776 UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC
>aof-miR169c MIMAT0049784 UAGCCAAGGAUGACUUGCCU	>aof-miR12151 MIMAT0049734 UAACUUAAGAAUUGGGGAACC	>aof-miR167a MIMAT0049777 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	>aof-miR12140 MIMAT0049723 UUGGCAGCGGCUGUAGAGCUGC

Tablo 4.3 Kuşkonmaz bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>aof-miR164 MIMAT0049772 UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	>aof-miR398 MIMAT0049805 UGUGUUCUCAGGUCGCCCCUG	>aof-miR166b MIMAT0049774 UCUCGGACCAGGCUUCAUUCU	>aof-miR12138 MIMAT0049721 UUCCACCAUCUCGUGUCCCCC
>aof-miR2275a MIMAT0049792 UUCGGUUUCCUCCAACAUCUCA	>aof-miR2275b MIMAT0049793 UCUGGUUUCCUCCAAUAUCUCA	>aof-miR2118a MIMAT0049791 CUCCCGAUGCCACCUAAUCCUU	>aof-miR482c MIMAT0049748 UUGCCUACUCCGCCCAUUCCCC
>aof-miR12157 MIMAT0049740 UAUUAGAGUUAGGUGAUUACU	>aof-miR399b MIMAT0049807 GUGCAACUCUCCUUUGGCACC	>aof-miR169b MIMAT0049783 UAAGCCAAGGAUGACUUGCCU	>aof-miR482b MIMAT0049813 UUUCCAAAACCUCCCAUUCCGA
>aof-miR12145 MIMAT0049728 AGAGAAGUCGGUCUAAAUGCUC	>aof-miR12152 MIMAT0049735 UUGGCCGAGACACUCUGGGGU	>aof-miR827 MIMAT0049819 UUAGAUGACCAUCAACAAACA	>aof-miR159 MIMAT0049768 UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA
>aof-miR12177 MIMAT0049764 CCAGAACAGAUGGUACACCUC	>aof-miR828 MIMAT0049820 UCUUGCUUAGAUGAGUGUUCCU	>aof-miR12148 MIMAT0049731 UGAUUUUAGGAGAAAACGGUC	>aof-miR12166 MIMAT0049751 UGAUUUCUAGCUGUCUAACCC
>aof-miR12167 MIMAT0049752 UUUAGUAAAAUUAGUCGUCACU	>aof-miR169a MIMAT0049782 UAGCCAAGGAUGAUUUGCCUA	>aof-miR166c MIMAT0049775 UCGGACCAGGCUUCAUCCCCC	>aof-miR12171 MIMAT0049756 UCCUUGUAGAUGAGUUGUGCA
>aof-miR12172 MIMAT0049757 CACGUGACUGUUCCUUUCAAA	>aof-miR167b MIMAT0049778 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA	>aof-miR393a MIMAT0049798 UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUUC	
>aof-miR168a MIMAT0049780 UCGCUUGGUGCAGGUCGGGAA	>aof-miR393b MIMAT0049799 UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUCU	>aof-miR2118b MIMAT0049789 UUCCCGAAGCCUCCCAUUUCUA	
>aof-miR391 MIMAT0049809 UACGCAGGAGAGAUGAUGCCA	>aof-miR171a MIMAT0049785 UGAUUGAGCCGUGCCAAUAUC	>aof-miR395a MIMAT0049801 UGAAGUGUUUGGGGGAACUCU	
>aof-miR390 MIMAT0049797 AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	>aof-miR156c MIMAT0049767 UGACAGAAGAGAGAGAGCAC	>aof-miR477a MIMAT0049810 ACUCUCCCUCAAGGGCUUCCG	

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri

>gma-miR10447 MIMAT0041727 UGUUUCCAUGUUGUUGAGUGAC	>gma-miR5559 MIMAT0023168 UACUUGGUGAAUUGUUGGAUC	>gma-miR10188 MIMAT0040953 UCUCUGAUUUUGCAGAUAAGGACU	>gma-miR6300 MIMAT0024929 GUCGUUGUAGUAUAGUGG
>gma-miR9732 MIMAT0036351 CAAGGGUAUGAUGUGCAAUCU	>gma-miR167i MIMAT0021076 UCAUGCUGGCAGCUUCAACUGGU	>gma-miR159b-3p MIMAT0007351 AUUGGAGUGAAGGGAGCUCCA	>gma-miR2119 MIMAT0011167 UCAAAGGGAGUUGUAGGGGAA
>gma-miR5672 MIMAT0022454 CAUGGUAGUGGAAGAAAUGGA	>gma-miR4342 MIMAT0018230 AAUCGACUUAGAAUGUAGGAUGGU	>gma-miR5675 MIMAT0022460 UAGAGACGACAACAAUGGAAA	>gma-miR1523a MIMAT0007384 AUGGGAUAAAUGUGAGCUCA
>gma-miR5030b MIMAT0040957 UUCCGGAAGAACAAAGCUACC	>gma-miR9749 MIMAT0036376 UUAGCUUCUUUCACCUUUCCC	>gma-miR10427a MIMAT0041684 AAGAGAAUUGGGCUAGAGCUGC	>gma-miR2109-5p MIMAT0010086 UGCGAGUGUCUUCGCCUCUG
>gma-miR10419 MIMAT0041665 CAAAAAACACAUAUGAAACUG	>gma-miR9728 MIMAT0036346 CGCAGAACUGAAACAAGUUGA	>gma-miR172f MIMAT0018333 AGAAUCUUGAUGAUGCUGCA	>gma-miR156t MIMAT0023225 UUGACAGAAGAAAGGGAGCAC
>gma-miR1520f-3p MIMAT0018244 CAAUCAGAACAUGACACAUGACAA	>gma-miR1520o MIMAT0018296 UCAUCGUCCAAUCAGAAUGUGACA	>gma-miR162b MIMAT0020974 UCGAUAAACCUCUGCAUCCAG	>gma-miR5778 MIMAT0023183 CGACGAACUCUUCGUCGGCAUC
>gma-miR9739 MIMAT0036359 UUUGAAUGUCCAGAUACGUAC	>gma-miR166k MIMAT0023223 UCUCGGACCAGGCUUCAUUCC	>gma-miR2118a-5p MIMAT0022981 GGAGAUGGGAGGGUCGGUAAAG	>gma-miR4395 MIMAT0018310 UGGAUAGGAGUAUGGGCUUGAG
>gma-miR319p MIMAT0036379 UUUUGGACUGAAGGGAGCUCC	>gma-miR1519 MIMAT0007378 UAAGUGUUGCAAAAUAGUCAUU	>gma-miR5763b MIMAT0023160 UGAACUAUACAAAGACGGUUA	>gma-miR5761a MIMAT0023157 UUUUGUGUCGUGAAGCUUUUG
>gma-miR862b MIMAT0021604 GCUGGAUGUCUUUGAAGGA	>gma-miR1508a MIMAT0007366 UCUAGAAAGGGAAAUAGCAGUUG	>gma-miR9754 MIMAT0036385 UGACCACAUUAGACUGAAAGUA	>gma-miR4360 MIMAT0018252 CAGUUGACGUACGUACGGAUUGAC
>gma-miR1520l MIMAT0018292 AAUCAGAACAUGACACGUGAUAGU	>gma-miR169c MIMAT0007357 AAGCCAAGGAUGACUUGCCGA	>gma-miR4408 MIMAT0018327 UAACAACAUUGGAUGAGGGUUGGA	>gma-miR4347 MIMAT0018236 AAGCUUCUUACGGAUCAAGUUGAU
>gma-miR5371-5p MIMAT0021608 UAGGAAUUAGUCACUCAGAUC	>gma-miR1520i MIMAT0018257 AACGUGACACGUGACGGUCAACAU	>gma-miR10443 MIMAT0041721 UCGACUGAGAACAACAUAAUUCAU	>gma-miR5374-3p MIMAT0032125 UUCAAAUGUCAGAUUAUAAAA

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR169w MIMAT0041676 CAAGGAUGACUUGCCGGCAUU	>gma-miR171h MIMAT0021054 AUUGAGACGAGCCGAAUCAAU	>gma-miR1536 MIMAT0007380 AAGCAGAGACAAAUGUGUUUA	>gma-miR482b-3p MIMAT0020952 UCUUCCCUACACCUCCCAUACC
>gma-miR10430 MIMAT0041695 UCGGUCUGACCUUUUUAAAAGCCU	>gma-miR5379 MIMAT0021620 AUGAAAAUCAUUCAUUAUGAUAUC	>gma-miR4394 MIMAT0018309 AAUGGACUAAAGAGAAAGGGGCCG	>gma-miR396c MIMAT0010079 UUCCACAGCUUUCUUGAACUU
>gma-miR171i-3p MIMAT0021057 UUGAGCCGUGCCAAUAUCACG	>gma-miR10201 MIMAT0040969 UACCGGUAGUAAAUGGAUGCCU	>gma-miR9764 MIMAT0036401 UGGAUACACUCUUACUUUCUC	>gma-miR1520b MIMAT0007387 GUGACAGUCAUCAUUUAAUAAGA
>gma-miR1532 MIMAT0007394 AACACGCUAAGCGAGAGGAGCUC	>gma-miR10448 MIMAT0041729 UUAGGCUUUGUGGGACGUGAUU	>gma-miR4359b MIMAT0018253 AACGCGUGAUAUGUUAACAUCGGU	>gma-miR5377b MIMAT0041693 GACCGAUGUAGAAUGUUCAACAUU
>gma-miR4994-3p MIMAT0032119 UGAUAUCCUUGAGCUAAUACA	>gma-miR10445 MIMAT0041724 AAGGACCAAAUUUAUGAAUUAAAU	>gma-miR9741 MIMAT0036361 AAUGUGUUGAACUGAGUGAAGACA	>gma-miR4414a-5p MIMAT0018342 AGCUGCUGACUCGUUGGCUC
>gma-miR391-5p MIMAT0018280 UACGCAGGAGAGAUGACGCUGU	>gma-miR9724b MIMAT0041687 UAUCUUGGCACUAUCUCUAAC	>gma-miR168a MIMAT0001681 UCGCUUGGUGCAGGUCGGGAA	>gma-miR4373 MIMAT0018277 AAGUUGACGUACGUACGGAUUGAC
>gma-miR1524 MIMAT0007385 CGAGUCCGAGGAAGGAACUCC	>gma-miR169u MIMAT0023249 CAGCCAAGGAUGACUUGCCGU	>gma-miR4343b MIMAT0018306 UCUUACAGAUCAAGUUGAUUCGGA	>gma-miR395m MIMAT0024925 AUGAAGUGUUUGGGGGAACUC
>gma-miR408d MIMAT0020998 UGCACUGCCUCUUCCCUGGC	>gma-miR5368 MIMAT0021602 GGACAGUCUCAGGUAGACA	>gma-miR4348d MIMAT0041640 UUUCGGUGUCGGUGAAUUGCC	>gma-miR10193e MIMAT0041663 UAAAAAAACCAAUGUUAACUGU
>gma-miR9760 MIMAT0036395 UGGAUGAUGUAGUUUUGAUUG	>gma-miR4997b MIMAT0041691 UCGCGGCAGAAGAAAUCCUGAU	>gma-miR1515b MIMAT0024926 UCAUUUUGCGUGCAAUGAUCUG	>gma-miR4392 MIMAT0018305 UCUGCGAAAAUGUGAUUUCGGA
>gma-miR4358 MIMAT0018250 CAGUGCAUGACUAUAUCGCCAG	>gma-miR4348b MIMAT0036344 UCUUUUGAAUUUGACUAUUAG	>gma-miR10195 MIMAT0040962 UAUGAUUUUGUGGAUCAAAGGA	>gma-miR408a-3p MIMAT0021629 AUGCACUGCCUCUUCCCUGGC
>gma-miR4398 MIMAT0018314 UGUCAGCGGAGUGAGAAGACGAAA	>gma-miR4346 MIMAT0018235 GAAAGACCAAACGAGAAGCUGCAU	>gma-miR5775 MIMAT0023179 AUAAGCUCUUUUGAGAGCUUC	>gma-miR10439 MIMAT0041711 CAGACAGAUAAUGCUAGAGCC

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR393b MIMAT0023170 UUUGGGAUCAUGCUAUCCCUU	>gma-miR4403 MIMAT0018321 ACGGACACCGAACACGACACGGAC	>gma-miR169p MIMAT0023211 UGAGCCAAGGAUGACUUGCCG	>gma-miR4387a MIMAT0018299 AACAAGACGUGAUGACGUGACACU
>gma-miR1520h MIMAT0018255 AACGUCCAAUCAGAACGUGACAUG	>gma-miR5376 MIMAT0021617 UGAAGAUUUGAAGAAUUUGGGA	>gma-miR10416 MIMAT0041658 AAGAUUUGACUGUUGGAACUGCCU	>gma-miR394b-3p MIMAT0018336 AGGUGGGCAUACUGUCAACU
>gma-miR171b-5p MIMAT0017336 ACGGCGUGAUAUUGGUACGGCUC	>gma-miR10191 MIMAT0040956 GGCGACUGCGGCUCCUCCGCCG	>gma-miR5776 MIMAT0023181 AACUUGGGCUGAGCUUAGGUG	>gma-miR5037c MIMAT0021606 AGUGGAACUUUGAGGCCUGC
>gma-miR4353 MIMAT0018242 CAAGUCGUAGCCGGUGUUAUUACU	>gma-miR5034 MIMAT0021055 GGUACCCUUUCAGAUAGUCUCA	>gma-miR1520g MIMAT0018245 CAAUCAGAACAUGACACGUGACAA	>gma-miR160b MIMAT0020970 UGCCUGGCUCCCUGUAUGCC
>gma-miR4996 MIMAT0021014 UAGAAGCUCCCCAUGUUCUC	>gma-miR862a MIMAT0021004 UGCUGGAUGUCUUUGAAGGAAU	>gma-miR171o-3p MIMAT0023204 UUGAGCCGUGCCAAUAUCACA	>gma-miR159b-5p MIMAT0020934 GAGUUCCCUGCACUCCAAGUC
>gma-miR4379 MIMAT0018285 UAGAGUGUAUACUGUGAGAGGCCU	>gma-miR10407a MIMAT0041643 AGUUAACGGAUGAAUGAAUUUGUC	>gma-miR5037a MIMAT0021060 GCCUCAAAGGCUUCCACUACUG	>gma-miR5030 MIMAT0021049 AGAACAAUUUGUGUUUUACCGG
>gma-miR10426 MIMAT0041682 UAGAAAAGAAUCAAUGUAGAAAGU	>gma-miR9762 MIMAT0036399 UACAGAUCUUUGGAAACAGGC	>gma-miR156ab MIMAT0024887 AUUUAAGUGAUGGGAGCUCCG	>gma-miR5670a MIMAT0022452 CAUCAUACCAUAUUUGCUUCAU
>gma-miR10441 MIMAT0041714 CAACCCUGAGAACAAUGAAAUCGU	>gma-miR169s-5p MIMAT0023218 AAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	>gma-miR4352b MIMAT0018276 UAAAAUGUAGACAUUCUAAGACGG	>gma-miR1526 MIMAT0007388 CCGGAAGAGGAAAAUUAAGCAA
>gma-miR156b MIMAT0001692 UGACAGAAGAGAGAGAGCACA	>gma-miR9730 MIMAT0036349 CGAUUGCUGUCAUAACUGCUGC	>gma-miR169k MIMAT0021651 CAGCCAAGAAUGACUUGCCGG	>gma-miR10197 MIMAT0040964 AUUUUAGAACGACUUUUUCCU
>gma-miR1513c MIMAT0021674 UAUGAGAGAAAGCCAUGAC	>gma-miR166i-5p MIMAT0021645 GGAAUGUCGUCUGGUUCGAG	>gma-miR5668 MIMAT0022450 AGCAAUGGAAUUAUAGACUGC	>gma-miR4355 MIMAT0018247 CACUGUUGUGCUGGGUGUACCA
>gma-miR2108a MIMAT0010084 UUAAUGUGUUGUGUUUGUCGG	>gma-miR5371-3p MIMAT0021609 UCUCAGUGACUAAUUUCUAGA	>gma-miR4415a-3p MIMAT0020955 UUGAUUCUCAUCACAACAUGG	>gma-miR1534 MIMAT0007397 UAUUUUGGGUAAAUAGUCAU
>gma-miR4366 MIMAT0018265 CUACUUAGUAGAGAUUUGUUGG	>gma-miR9736 MIMAT0036356 UGAAAGACAAACAAAGGUGGG	>gma-miR10436 MIMAT0041707 UCUUGGCAACACAACUUUUAACAU	>gma-miR171k-3p MIMAT0022995 UUGAGCCGCGCCAAUAUCACU
>gma-miR1512a-5p MIMAT0007370 UAACUGAAAAUUCUUAAAGUAU	>gma-miR5038b MIMAT0021612 UGAGAAUUUGGCCUCUGUCCA	>gma-miR169e MIMAT0018335 AGCCAAGGAUGACUUGCCGG	>gma-miR5036 MIMAT0021059 AGAGGCCCUUGGGGAGGAGUAA

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR5679 MIMAT0022467 UUGGUGACCCAGAAGAAGUUGA	>gma-miR4387d MIMAT0018301 AUGUCACUGAUUAGGCAUGAUGAU	>gma-miR5674a MIMAT0022459 UAAUUGUGUUGUACAUUAUCA	>gma-miR169i-5p MIMAT0022983 UGAGCCGGGAUGGCUUGCCGGCA
>gma-miR4389 MIMAT0018302 UCGGUCGGACCGAUCCAAUCGGAA	>gma-miR4348a-5p MIMAT0018237 AAACUUGUAAGAUGGUGACAUU	>gma-miR4387e MIMAT0022464 UGUUAGUGAUAAGGCGUGAUG	>gma-miR2111c MIMAT0023221 UAAUCUGCAUCCUGAGGUUUA
>gma-miR159d MIMAT0018340 AGCUGCUUAGCUAUGGAUCCC	>gma-miR4349-3p MIMAT0037390 UCACUUAUAUACUCUUUCUUGGCC	>gma-miR5031 MIMAT0021050 UUAAUGAUUAACAUCUAAUUU	>gma-miR4381 MIMAT0018288 UAUGUGACGGUAAACGGUGACAAG
>gma-miR9748 MIMAT0036375 GAAGGAAGUGUAGAGGGAUGAC	>gma-miR10425 MIMAT0041675 UUACAACCGUCUUUGAAAUCGCCU	>gma-miR4385 MIMAT0018297 AAUCGAUGUAGAAAAGUGAUUGGU	>gma-miR319d MIMAT0020992 UGGACUGAAGGGGAGCUCCUUC
>gma-miR5784 MIMAT0023190 AAUUAGCUAAUGGUUAGCUAA	>gma-miR5380c MIMAT0036391 AUGAAUGGUGAAGAUGAAGAG	>gma-miR2118a-3p MIMAT0020999 UUGCCGAUUCCACCCAUUCCU	>gma-miR1531-5p MIMAT0032033 AUAUGGACGAAGAGAUAGGUAAAU
>gma-miR4411 MIMAT0018331 UUAUUGUAACUAAUUUGUCGGU	>gma-miR1520f-5p MIMAT0032111 AUUGUCACGUGUCAUGUUCUGAUU	>gma-miR397a MIMAT0021627 UCAUUGAGUGCAGCGUUGAUG	>gma-miR5780d MIMAT0036396 UGUUUUGAGUUUCUGAUAAAUU
>gma-miR4401a MIMAT0018319 ACAACGUCUUUGAAAGUAGGCAUU	>gma-miR319g MIMAT0021661 UUGGACUGAAGGGAGCUCCUUC	>gma-miR5782 MIMAT0023187 UAGCUGGUAGGAGAAGUUCAG	>gma-miR5042-5p MIMAT0021072 UAUCUUGGAUCACAGCCCCAUU
>gma-miR10438 MIMAT0041710 UUGGACUAAGGUUUUUUGGCAC	>gma-miR4402 MIMAT0018320 ACAUAUUAUGGGUCUCAGACGGAC	>gma-miR4348a-3p MIMAT0037389 UAUCACAAUGUCAUCAUCUUG	>gma-miR4361 MIMAT0018256 CCGGAAGAGACUUACGGAUCAACU
>gma-miR4997 MIMAT0021015 GAUCGUCAAGCGCGAAGAUGAGG	>gma-miR395h MIMAT0024920 AUGAAGUGUUUGGGAGAACUC	>gma-miR10414 MIMAT0041652 UCUGAGAAGAACCAUUGGUACC	>gma-miR399g MIMAT0023242 UGCCAAAGGAGAUUUGCCCAG
>gma-miR4412-3p MIMAT0018337 AGUGGCGUAGAUCCCCACAAC	>gma-miR10405a MIMAT0041639 UUGUUUCUUAUAAAAAGGACC	>gma-miR1512c MIMAT0022458 UAACUGAACAUUCUUAGAGCAU	>gma-miR5673 MIMAT0022456 CGUGGAAUCUCGCGGAAGACAU
>gma-miR4404 MIMAT0018323 AUUCGUGGAAGACUGGCGGAUCAA	>gma-miR4348c MIMAT0036389 UGUUAAACUUGCAAGAUGACA	>gma-miR156r MIMAT0023212 CUGACAGAAGAUAGAGAGCAU	>gma-miR172b-3p MIMAT0001683 AGAAUCUUGAUGAUGCUGCAU

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR160a-5p MIMAT0001676 UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	>gma-miR1516a-5p MIMAT0020937 CAAGUUAUAAGCUCUUUUGAGAG	>gma-miR1535a MIMAT0007398 CUUGUUUGUGGUGAUGUCU	>gma-miR1516a-3p MIMAT0007375 CAAAAGAGCUUAUGGCUUGUA
>gma-miR171i-5p MIMAT0021056 AUAAGAAAGCAAUGCUCAAA	>gma-miR5669 MIMAT0022451 CAAUGUAGUGUGGUAAGUGGUC	>gma-miR1509a MIMAT0007367 UUAAUCAAGGAAAUCACGGUCG	>gma-miR4372a MIMAT0018275 UAAAAUCGUGACAUGUGACGGUCA
>gma-miR1521a MIMAT0007382 CUGUUAAUGGAAAAUGUUGA	>gma-miR9761 MIMAT0036397 UGAAGGUCUAGGAUAUUUUGU	>gma-miR172l MIMAT0023205 GGAAUCUUGAUGAUGCUGCAU	>gma-miR159a-5p MIMAT0020919 GAGCUCCUUGAAGUCCAAUUG
>gma-miR5035-3p MIMAT0032121 UGUUUAGAAGCUCAUAGAAUAGAU	>gma-miR5677 MIMAT0022465 UUUGGUCUUUAAUCAAGCUGA	>gma-miR9765 MIMAT0036402 UAAUACAGAAUUCGGAGACAAC	>gma-miR399j MIMAT0041664 UGCCAAAGGAGAUUUGCCCUG
>gma-miR4390 MIMAT0018303 UCGUACUCGUCGGGUAUCGGGUAU	>gma-miR393a MIMAT0007362 UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC	>gma-miR1530 MIMAT0007392 UUUUCACAUAAAUUAAAAUAU	>gma-miR10432 MIMAT0041698 UUUUCCAGAUCAUAUCGCCGGUUC
>gma-miR9723 MIMAT0036338 CAAAGGAGAUUUGGACAACUC	>gma-miR530b MIMAT0022463 UGCAUUUGCACCUGCACUUUA	>gma-miR396k-3p MIMAT0023219 GCUCAAGAAAGCUGUGGGAGA	>gma-miR1520p MIMAT0018322 AUGUUGUUAUUGGAUGAUGACGGU
>gma-miR5043 MIMAT0021074 UGUCCCCUUCUCUGCACCACC	>gma-miR1523b MIMAT0021051 UCAUCGCUCCUGAGCUCACA	>gma-miR1507a MIMAT0007365 UCUCAUUCCAUACAUCGUCUGA	>gma-miR393f MIMAT0024913 UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUCC
>gma-miR10422 MIMAT0041669 UUCUGAUUAGAGAGCAACACC	>gma-miR5779 MIMAT0023184 CAAGUCCAAAGUAGGAAUGUUGCA	>gma-miR4364a MIMAT0018260 CGCGAGAUCGCACGGAAGAAGGUU	>gma-miR393c-3p MIMAT0032134 AUCAUGCUAUCCCUUUGGAUU
>gma-miR1516d MIMAT0024927 GUACUUGUGGCUUGUAUCCAA	>gma-miR398b-5p MIMAT0037314 GAGUGGAUCUGAGAACACAAGG	>gma-miR1512a-3p MIMAT0032030 GCUUUAAGAAUUUCAGUUAUG	>gma-miR9757 MIMAT0036390 CAACCCUCCUCAGUUAGAUCUC
>gma-miR166m MIMAT0023247 CGGACCAGGCUUCAUUCCCC	>gma-miR4995 MIMAT0021013 AGGCAGUGGCUUGGUUAAGGG	>gma-miR10440 MIMAT0041713 UUGGGACAAUACUUUAGAUAU	>gma-miR1514a-5p MIMAT0007372 UUCAUUUUUAAAAUAGGCAUU
>gma-miR4344 MIMAT0018232 AAGUAGACAUUCUAAGACGUUGCU	>gma-miR396j MIMAT0023214 AUUCAAGAUAGCUGUGGAAAA	>gma-miR390b-3p MIMAT0020935 UACUUGGCGCUAUCUAUCUUGA	>gma-miR396i-5p MIMAT0021669 UUCCACAGCUUUCUUGAACUG
>gma-miR172b-5p MIMAT0020921 GUAGCAUCAUCAAGAUUCAC	>gma-miR4378a MIMAT0018283 AUAGGACUGUCUUAGAAUGGUGUA	>gma-miR10423 MIMAT0041670 AUGAAAGCACCAAAUUGAUAGGACU	>gma-miR5769 MIMAT0023166 UGAGGGAAAUGAAGACGACGA

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR319i MIMAT0021663 UUGGACUGAAGGGGAGCUCCUUC	>gma-miR169j-5p MIMAT0021649 UAGCCAAGAAUGACUUGCCGG	>gma-miR9759 MIMAT0036394 UAUAAGCAAGUAGAAUUUAAU	>gma-miR156w MIMAT0024882 UGACAGAAGAGAGUGAGCAC
>gma-miR3522 MIMAT0021633 AGACCAAAUGAGCAGCUGA	>gma-miR4994-5p MIMAT0021012 GGUUAGCUCAAGGAUCUCAC	>gma-miR5667-3p MIMAT0022449 AAACAGAUCUAAAUGGAUUCC	>gma-miR1511 MIMAT0007369 AACCAGGCUCUGAUACCAUG
>gma-miR1520m MIMAT0018293 AAUCAGAACAUGACAUGUGACAAU	>gma-miR171a MIMAT0007358 UGAGCCGUGCCAAUAUCACGA	>gma-miR10200 MIMAT0040967 AGGUUUUAAAGAAAUUAAAUG	>gma-miR398c MIMAT0020997 UGUGUUCUCAGGUCGCCCCUG
>gma-miR4363 MIMAT0018259 CGAUUACCAGAAGGCUUAUUAG	>gma-miR399o MIMAT0041728 GGGCUCCUCUCUCCUGGCAUG	>gma-miR398b-3p MIMAT0001690 UGUGUUCUCAGGUCACCCCUU	>gma-miR10186e MIMAT0041668 UUGGGAAUUAAAAUGUAAACUU
>gma-miR160a-3p MIMAT0022889 GCGUAUGAGGAGCCAAGCAUA	>gma-miR9755 MIMAT0036386 UGAUCCAGGAACUUUUCAUCU	>gma-miR171n MIMAT0023202 UUGAGCCGCGUCAAUAUCUUA	>gma-miR171e MIMAT0020989 UGAUUGAGCCGUGCCAAUAUC
>gma-miR4383 MIMAT0018290 UAUUGGAUCUCAGUUGAACCGGUC	>gma-miR1527 MIMAT0007389 UAACUCAACCUUACAAAACC	>gma-miR319n MIMAT0023207 UUUGGACCGAAGGGAGCCCCU	>gma-miR390e MIMAT0024907 AGCUCAGGAGGGAUAGCGCC
>gma-miR4370 MIMAT0018271 AGUAGACUCGUCCGAUUUUGCGUA	>gma-miR10424c MIMAT0041712 UUUUCUAAUUUAUUAGGGACU	>gma-miR1446 MIMAT0040968 UUCUGAACUCUCUCCCUCAAU	>gma-miR4343a MIMAT0018231 AAAAAACUUACGGAUCAAGUUGAU
>gma-miR9752 MIMAT0036381 UGCUUCUUCUUUUCCCUGUUU	>gma-miR1533 MIMAT0007396 AUAAUAAAAAUAAUAAUGA	>gma-miR10427b MIMAT0041694 CAAGAGAAUUGGGCUAGAGCUG	>gma-miR4416c-5p MIMAT0023172 CUGGGUGAGAGAAACACGUAU
>gma-miR5773 MIMAT0023175 UUUUUAAAAGGUUCAGUUAGGU	>gma-miR4341 MIMAT0018229 UGUGUUGAAAGUUUAACAUGACGG	>gma-miR1520n MIMAT0018295 UCAAUCAGAACAUGACACGUGACA	>gma-miR4340 MIMAT0018228 UGCAGAGAUAGGGACGCGCUUA
>gma-miR5671a MIMAT0022453 CAUGGAAGUGAAUCGGGUGAC	>gma-miR10412 MIMAT0041649 GAACGUUCUGGAGAACUCUAGAGU	>gma-miR4401b MIMAT0022461 UCAAAGACGUUGCUGAGGUAA	>gma-miR482e MIMAT0023227 UAUGGGGGGAUUGGGAAGGAA
>gma-miR4357 MIMAT0018249 CAGUCGUGUGAUUGUACGGUUCAU	>gma-miR1513b MIMAT0021008 UGAGAGAAAGCCAUGACUUAC	>gma-miR171d MIMAT0020988 UGAUUGAGUCGUGUCAAUAUC	>gma-miR166e MIMAT0020980 UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC
>gma-miR5770a MIMAT0023167 UUAGGACUAUGGUUUGGACGA	>gma-miR4409 MIMAT0018328 UAACAAGUGGGUUUGUUGACUG	>gma-miR9726 MIMAT0036342 UAUAGGCAUUAUUUUUUUCUUC	>gma-miR10196 MIMAT0040963 UGAUUGUGGGAGAGCAUUUCAU

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR2606b MIMAT0023250 AAAAGCACUUAAGGAACGGUA	>gma-miR10199 MIMAT0040966 AGCAAUGUUGAGCUUGGGCCU	>gma-miR156g MIMAT0018339 ACAGAAGAUAGAGAGCACAG	>gma-miR4406 MIMAT0018325 AUUGAUUCUGAGAGAACCGGUG UA
>gma-miR5764 MIMAT0023161 UCCAUUCGCGGACAUGAUGGAU	>gma-miR482a-3p MIMAT0007364 UCUUCCCAAUUCCGCCCAUUCCU A	>gma-miR5225 MIMAT0023169 CCUGUCGUAGGAGAGAUGACGC	>gma-miR1507c-3p MIMAT0021006 CCUCAUUCCAAACAUCAUCU
>gma-miR10409 MIMAT0041646 CCUCUGAAGAUAUUAAAAGCCU	>gma-miR9737 MIMAT0036357 UUGUGGCUGAAAUCACUGUUGC	>gma-miR2107 MIMAT0010083 CAAACCUCCGUAGCCUGUAUC	>gma-miR10434 MIMAT0041702 CUACUGAUUAUAUAUCUGAUAC CAG
>gma-miR4414a-3p MIMAT0032112 UCCAACGAUGCGGGAGCUGC	>gma-miR167h MIMAT0021064 AUCAUGCUGGCAGCUUCAACUG GU	>gma-miR156aa MIMAT0024886 AUUGGAGUGAAGGGAGCU	>gma-miR156k MIMAT0021635 UUGACAGAAGAGAGUGAGCAC
>gma-miR167g MIMAT0018307 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA	>gma-miR5040 MIMAT0021067 AUGAUAUAUAACAAGCAUGAG	>gma-miR319a MIMAT0001684 UUGGACUGAAGGGAGCUCCC	>gma-miR164g MIMAT0024891 UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA
>gma-miR1520c MIMAT0007395 UUCAAUAAGAACGUGACACGUGA	>gma-miR4393a MIMAT0018308 UGAGAAAAGGACGGCAGAAAAG CC	>gma-miR4993 MIMAT0021011 GAGCGGCGGCGGUGGAGGAUG	>gma-miR4371b MIMAT0018274 AAGUGAUGACGUGGUAGACGG AGU
>gma-miR4414b MIMAT0041688 AGCUGCUGACUCGUUGGUUCG	>gma-miR10442 MIMAT0041715 CUACAUGCUGCACUUGGAUCC	>gma-miR10408 MIMAT0041644 CGAGGACUCCUUUAAAUAGACU	>gma-miR1517 MIMAT0007376 AGUCUUGGUCAAUGUCGUUCGA AA
>gma-miR10418 MIMAT0041661 GAAGUAAUCCUAGGAACUCCCU	>gma-miR396a-3p MIMAT0020922 UUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	>gma-miR169b MIMAT0007356 CAGCCAAGGAUGACUUGCCGA	>gma-miR169n-3p MIMAT0032126 UGCCGGCAAGUUUCUCUUGGC
>gma-miR5044 MIMAT0021075 GUAGUGGAUGCCUAGAGGUCCA	>gma-miR171b-3p MIMAT0007363 CGAGCCGAAUCAAUAUCACUC	>gma-miR167f MIMAT0011197 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUU	>gma-miR5041-5p MIMAT0021070 UUUCAUCUUCAACUUGCUCAA
>gma-miR9745 MIMAT0036365 AGAAUUAAAUUUGGACCGUAUAA C	>gma-miR169t MIMAT0023233 UAGCCAAGGAUGGACUUGCCUA	>gma-miR9727 MIMAT0036345 UGAAGUUACUCUGAGCACUGAG	>gma-miR4380a MIMAT0018261 CGGAUUGUUGAUCCGUAUGUGC AU
>gma-miR408a-5p MIMAT0022992 CAGGGGAACAGGCAGAGCAUG	>gma-miR9729 MIMAT0036347 GUAAUGAGUAGAAACAUUUAGA AG	>gma-miR10444 MIMAT0041723 GACAUACAUGUGAGUUCGGAUGU A	>gma-miR1510b-5p MIMAT0020939 AGGGAUAGGUAAAACAACUACU
>gma-miR171c-5p MIMAT0018334 AGAUAUUGGUGCGGUUCAAUC	>gma-miR5785 MIMAT0023191 UAGUGUUGUCCUGUCGAACACG GA	>gma-miR10415 MIMAT0041656 AUCUUAGAAUGUGAGUUUGGAUC U	>gma-miR162a MIMAT0007353 UCGAUAAACCUCUGCAUCCA

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR9751 MIMAT0036380 GUAAUUUUAAACCUAAACCCUAAA	>gma-miR169n-5p MIMAT0021654 CAGCCAAGGGUGAUUUGCCGG	>gma-miR5039 MIMAT0021066 CCCUUUUUUAAUCGUUGCAUG	>gma-miR5374-5p MIMAT0021615 UUAUAGUCUGACAUCUGGAAU
>gma-miR9740 MIMAT0036360 UGUAGGUUCCAGUGAGGGAAA	>gma-miR1514b-3p MIMAT0032032 AUGCCUAUUUUAAAAUGAAAA	>gma-miR9763 MIMAT0036400 ACCCAUCCAACUCUGAAGAUA	>gma-miR1507b MIMAT0010080 UCUCAUUCCAUACAUCGUCUG
>gma-miR5780b MIMAT0036341 UCUGAGUCCAUGAUAUAUUAAA	>gma-miR4345 MIMAT0018233 UAAGACGGAACUUACAAAGAUU	>gma-miR4413b MIMAT0021675 UAAGAGAAUUGUAAGUCACU	>gma-miR9746d MIMAT0036369 AAAGUGUUUGAAUCUCAAUUAGAU
>gma-miR1516c MIMAT0023178 AAUGUCUGGGCUUAGCGAGGCGGU	>gma-miR5678 MIMAT0022466 UUCCAUGAUAAGAUCUUUGAC	>gma-miR9742 MIMAT0036362 UGUGUUGUUUGUUUUGUAGCA	>gma-miR4367 MIMAT0018266 CUGAACCCUAGCGAAGUAAAUC
>gma-miR4415b-5p MIMAT0022997 AAGUUGUGAUGGGAAUCAAUGGCA	>gma-miR4374a MIMAT0018278 UAAGACGGUCGUGAUGUCAGCA	>gma-miR172g MIMAT0021656 GCAGCACCAUCAAGAUUCAC	>gma-miR171t MIMAT0023236 UUGAGCCGCGUCAAUAUCUCA
>gma-miR4377 MIMAT0018281 UACGUCAUCGCUGAAUGGAAGACG	>gma-miR166u MIMAT0024903 UCUCGGACCAGGCUUCAUUC	>gma-miR1513a-3p MIMAT0020936 UUUAAAUGUGUAUAAGUCAUGGU	>gma-miR4374b MIMAT0018282 UACUUUCAAAGACGUUGUUGAG
>gma-miR10406a MIMAT0041641 CAGUCGAGUUAUUGUAUAAUUCAC	>gma-miR391a-3p MIMAT0020951 AGCAUCAUAUCUCCUGCAUAG	>gma-miR4359a MIMAT0018251 AACGAAGUGACUCUAACAUCGGUU	>gma-miR10186f MIMAT0041677 UUUUGGGAAUUAAAAUGUAAACUU
>gma-miR4410 MIMAT0018329 UAUGUUGAUCCGUAUGAGUCGUAC	>gma-miR9747 MIMAT0036374 CAUGCGAUGAUUUAAAUACUUU	>gma-miR1520j MIMAT0018263 AAGAACGUGACACAUGACAAUCAA	>gma-miR4415a-5p MIMAT0018343 AAGUUGUGAUGAGAAUCAAUG
>gma-miR9738 MIMAT0036358 UGAAACAUGAUGUGGACUCUUC	>gma-miR169j-3p MIMAT0021650 UUUCGACGAGUUGUUCUUGGC	>gma-miR9722 MIMAT0036337 UAAUAGAGGGAAGAAGAUGAA	>gma-miR5766 MIMAT0023163 UUGAGGCUGAGAAGAGGCAAG
>gma-miR169v MIMAT0024905 CAGCCAAGGAUGACUUGCC	>gma-miR5380a MIMAT0021621 GAAAAUGAAUGAUGAGGAUGGGGA	>gma-miR390c MIMAT0020995 CGCUAUCCAUCCUGAGUUUC	>gma-miR9731 MIMAT0036350 AUACAUAUCGUGUUGCCAAGC
>gma-miR169i-3p MIMAT0021068 CCGGUGCCAUCCCGUCUCAUA	>gma-miR5033 MIMAT0021053 GGCUGUACAAAAGGAAACUAC	>gma-miR4369 MIMAT0018270 GGAUCAAGCUGAUCCGGAAGUGGA	>gma-miR169s-3p MIMAT0037454 CGGCAAGUAAUCUUUGGCUGC

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR4374c MIMAT0041680 CAACACCGUCUUUGAAGCCUGG	>gma-miR9735 MIMAT0036355 UACGGCUUAAGUUCAACUUUGGAG	>gma-miR5780c MIMAT0036352 UUUAAUAUAUCAGGGACUUGGA	>gma-miR10428 MIMAT0041690 UGAGGACAAAACACGUUGAAAAGU
>gma-miR169l-3p MIMAT0022994 CGGGCAAGUUGUUUUUGGCUAC	>gma-miR5765 MIMAT0023162 CGAAACGUUGAGGUAUAUGUGGAC	>gma-miR1529 MIMAT0007391 UUAAAGGAAACAAUUAAUCGUUA	>gma-miR9725 MIMAT0036340 UUAAUUUUUUUGGAUCAGCAU
>gma-miR159c MIMAT0007352 AUUGGAGUGAAGGGAGCUCCG	>gma-miR4393b MIMAT0018317 UUGAAAAGGGACAGCAGAGAAGCC	>gma-miR4413a MIMAT0018338 AAGAGAAUUGUAAGUCACUG	>gma-miR172c MIMAT0011198 GGAAUCUUGAUGAUGCUGCAG
>gma-miR1525 MIMAT0007386 UGGGUUAAUUAAGUUUUUAGU	>gma-miR10192 MIMAT0040958 UAAACGUUUGAUCCCUUGUAU	>gma-miR394c-5p MIMAT0020996 UUGGCAUUCUGUCCACCUCC	>gma-miR10193b MIMAT0041683 UCUGAAACCGAUGUUAACUACU
>gma-miR4368b MIMAT0018269 AAGGACGGUACUUACGUAAGCAAC	>gma-miR5772 MIMAT0023174 AGAAUGUGAGUUAGAGUGAGCAUC	>gma-miR390f MIMAT0024908 AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	>gma-miR5372 MIMAT0021610 UUGUUCGAUAAAACUGUUGUG
>gma-miR4365 MIMAT0018264 AAGAACUUCUUCCGCGAGAUCGCA	>gma-miR10189 MIMAT0040954 AAGAACACUAGAACCAUCUCC	>gma-miR396e MIMAT0018345 UUCCACAGCUUUCUUGAACUGU	>gma-miR1510a-3p MIMAT0007368 UUGUUGUUUUACCUAUUCCACCC
>gma-miR10198 MIMAT0040965 AAGGAACUCGAAAUUCAUAGU	>gma-miR4371a MIMAT0018273 AAGUGAUGACAUGACAAGCGAAGU	>gma-miR9753 MIMAT0036384 ACAAUUUGGGACUUAGGGCUACAA	>gma-miR171o-5p MIMAT0032131 AGAUAUUGGUACGGUUCAAUC
>gma-miR171s MIMAT0023234 CGAGCCGAAUCAAUACCACUC	>gma-miR5771 MIMAT0023171 AUCUCAAGUGGAUUGCUUAAGGAC	>gma-miR5774a MIMAT0023176 GCUGGCGUCGACACGUGGCAU	>gma-miR166j-3p MIMAT0021648 UCGGACCAGGCUUCAUUCCCG
>gma-miR5369 MIMAT0021603 UGAGAAAAGGAGGAUGUCA	>gma-miR396g MIMAT0021071 UUCUUGAACUUCUUAUGCAUC	>gma-miR9746i MIMAT0036383 AAAGUGUUUGAAUUUCAAUUAGAU	>gma-miR159e-5p MIMAT0021640 GAGCUCCUUGAAGUCCAAUU
>gma-miR10437 MIMAT0041709 UAUUGUUCAAACAUAUACUGUU	>gma-miR1520a MIMAT0007381 UAGAACAUGAUACAUGACAGUCA	>gma-miR10446 MIMAT0041726 UCAACUCAAGUCGAGCUCAAGCCU	>gma-miR5777 MIMAT0023182 CUAGCAAUAAUGUUGGAUGCAC
>gma-miR5786 MIMAT0023222 UGUCGCAGGAUAGAGGGCACU	>gma-miR10407d MIMAT0041655 UUAACGGCUGGAUAUAUUUGUUGC	>gma-miR10194 MIMAT0040961 UGUUGAAGGUGUGUAUGACAAG	>gma-miR1535b MIMAT0021009 CUUGUUUGUGGUGAUGUCUAG

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR1507c-5p MIMAT0021005 GAGGUGUUUGGGAUGAGAGAA	>gma-miR4416c-3p MIMAT0037453 ACGGGUCGCUCUCACCUGGAG	>gma-miR4349-5p MIMAT0018238 UAUUGGCUAGAGAUAAGACAAAGA	>gma-miR167c MIMAT0007355 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG
>gma-miR9750-5p MIMAT0039317 AGGCGCGUAUGGACUUACGACC	>gma-miR9734 MIMAT0036354 UCGUGAAUGAGAUUUGUGUUGCUU	>gma-miR5770c MIMAT0040959 UAGGACUAUGGUUUGGAUUU	>gma-miR1510b-3p MIMAT0010082 UGUUGUUUUACCUAUUCCACC
>gma-miR5042-3p MIMAT0032123 UGGGGCUUGAUCCAAGAUAGG	>gma-miR10407c MIMAT0041650 UUAACAGUCGGAUAUAUUUAUCGC	>gma-miR169o MIMAT0023206 UGAGCCAGGAUGGCUUGCCGGC	>gma-miR10429 MIMAT0041692 UGAGGACAAAACAUGUUGAAAAGU
>gma-miR4354 MIMAT0018246 CAAUUGGAUCGGUCCAACCGGC	>gma-miR4387b MIMAT0018272 AAGGUGUGAUGGCAUGACACUCUG	>gma-miR5764b MIMAT0041701 UGAUGGAUCUUUGCUUGGUACC	>gma-miR156f MIMAT0018318 UUGACAGAAGAGAGAGAGCACA
>gma-miR9750-3p MIMAT0036378 UGUAAGUCCAUAUGUGCUCUCU	>gma-miR1520q MIMAT0018332 AUUGACCAAUCAGAACAUGACACA	>gma-miR167l MIMAT0041654 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	>gma-miR172k MIMAT0023201 UGAAUCUUGAUGAUGCUGCAU
>gma-miR1521b MIMAT0021065 GACUGUCACGUGUCAUAAUCAUA	>gma-miR4350 MIMAT0018239 UCAAAUGAUUUUGUGUCGUUGG	>gma-miR5770b MIMAT0023189 UUAGGACUAUGGUUUGGACAA	>gma-miR394a-3p MIMAT0018341 AGCUCUGUUGGCUACACUUU
>gma-miR5370 MIMAT0021607 CUAAAGAUUGUCCAAAAGGAA	>gma-miR397b-3p MIMAT0022991 UAUUGACGCUGCACUCAAUCA	>gma-miR10420 MIMAT0041666 CCUGAACCAUCAUUUUUUU	>gma-miR4405 MIMAT0018324 AUUCUAAGACGGUUAUCUGGGACC
>gma-miR9724 MIMAT0036339 UAGAGAUAGUGUCAAAAUAGAA	>gma-miR1510a-5p MIMAT0017338 AGGGAUAGGUAAAACAAUGACUGC	>gma-miR399i MIMAT0036382 UGCCAAAGGAGAAUUGCCCUG	>gma-miR1531-3p MIMAT0007393 UCGUCCAUAUGGGAAGACUUGUC
>gma-miR9758 MIMAT0036392 UGUUUAGUCAUGCAAGUUUAG	>gma-miR403a MIMAT0021613 UUAGAUUCACGCACAAACUUG	>gma-miR482a-5p MIMAT0017337 AGAAUUUGUGGGAAUGGGCUGA	>gma-miR4384 MIMAT0018294 AAUCAGACACUGCAUUCAAAGACG
>gma-miR4362 MIMAT0018258 CCUUAGGACAGACGUCAUGUAG	>gma-miR4352a MIMAT0018241 AUUUCUAGGACAUACUACGACGGU	>gma-miR5767 MIMAT0023164 UGGAGGACCUUUGAAGGUGCA	>gma-miR159a-3p MIMAT0001675 UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA
>gma-miR5378 MIMAT0021619 CAUCUGAAGGAUAGAACACAUA	>gma-miR4391 MIMAT0018304 UCUCGGCAAAGAACUAAGAAGAAG	>gma-miR172e MIMAT0011200 GGAAUCUUGAUGAUGCUGCAGCAG	>gma-miR5780a MIMAT0023185 AUCACUUAGCUGACGGUAGGGAC

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR4416a MIMAT0018344 ACGGGUCGCUCUCACCUAGG	>gma-miR2111d MIMAT0023224 GUCCUUGGGAUGCAGAUUACG	>gma-miR5035-5p MIMAT0021058 CUUCUAAACAUUUUUUCCCUUA	>gma-miR399n MIMAT0041708 UGCCAAAGGAGAGCUGCCCUG
>gma-miR10431 MIMAT0041697 UUAGAAUAAACAUGUGUAGAAAU U	>gma-miR10413a MIMAT0041651 UUUUGGUAGAGAACGAAACCCU	>gma-miR396f MIMAT0021069 AGCUUUCUUGAACUUCUUAUGCCU A	>gma-miR2109-3p MIMAT0032101 GGAGGCGUAGAUACUCACACC
>gma-miR4396 MIMAT0018311 UGUAGUUUCUAAGACGAUGCUGA C	>gma-miR4400 MIMAT0018316 UUCGGAAAAAUUCUGGAAGACG UC	>gma-miR10433 MIMAT0041700 CUGCGGAUCAAGUUGAUUGUUAC G	>gma-miR10421 MIMAT0041667 CAGAAUGAGACCUUGAGCGUGG
>gma-miR4351 MIMAT0018240 AUUGGGAUUCAGUUGGAGUUGG	>gma-miR167k MIMAT0036388 UGAAGCUGCCAGCCUGAUCUUA	>gma-miR9743 MIMAT0036363 AGAGAGUGCUUUGAAGAAAAUGC C	>gma-miR395d MIMAT0023243 UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU
>gma-miR9766 MIMAT0036403 UUUGAAGGGAAGGAAUGAAAC	>gma-miR4372b MIMAT0021073 UAAUAAAAUCGUGACAUGUAAC	>gma-miR171j-5p MIMAT0021623 UAUUGGCCUGGUUCACUCAGA	>gma-miR164d MIMAT0020977 UGGAGAAGCAGGGCACGUGC
>gma-miR4405b MIMAT0041662 UUCCGAAUAACCGACUUAGAAAU C	>gma-miR5037d MIMAT0022455 CGGGAGCCUAUGAAGGUUAAC	>gma-miR5783 MIMAT0023188 GACGACGACGGGGAGGACGCGC	>gma-miR1514b-5p MIMAT0007373 UUCAUUUUUAAAAUAGACAUU
>gma-miR5762 MIMAT0023158 UCAUAGGAGGAAUCAACUGGC	>gma-miR156q MIMAT0023203 UGACAGAAGAGAGUGAGCACU	>gma-miR5670b MIMAT0036393 CACAUCAUACCAUAUUUGCUUC	>gma-miR1512b MIMAT0021673 UAACUGGAAAUUCUUAAAGCAU
>gma-miR10435 MIMAT0041703 UUCCAUUUCAACGUCGGGUUAGA A	>gma-miR5375 MIMAT0021616 ACUAUAGAAGUACUUGUGGAGC	>gma-miR6299 MIMAT0024928 AUUUAAAAUUAUUGAUUUGUCA	>gma-miR4387c MIMAT0018254 AGCGUGAUGACGUGACACUCCG UC
>gma-miR10411 MIMAT0041648 UAAUUUUAGACUGAUAUUUUGCC U	>gma-miR5781 MIMAT0023186 CUGAAACUGAGACUGCAUCUGG	>gma-miR10417 MIMAT0041660 GAGGCUGUUUCCAGAUUUGAACCC	>gma-miR319q MIMAT0036398 UGGACUGAAGGGAGCUCCUUC
>gma-miR9756 MIMAT0036387 UGAGAACUUUAUCCAAACAGAG	>gma-miR5032 MIMAT0021052 AGAGCCACUUUUGGGUUCCCUA U	>gma-miR1518 MIMAT0007377 UGUGUUGUAAAGUGAAUAUCA	>gma-miR172i-5p MIMAT0021659 GCAGCAGCAUCAAGAUUCACA
>gma-miR530a MIMAT0021003 UGCAUUUGCACCUGCACUUU	>gma-miR5667-5p MIMAT0032130 AAUCCAUUCAGAUCUGUUUCG	>gma-miR4412-5p MIMAT0020954 UGUUGCGGGUAUCUUUGCCUC	>gma-miR1520e MIMAT0018243 CAAUAAGAACGUGACAUAUGAC AG
>gma-miR5037b MIMAT0021605 AACCCUCAAAGGCUUCCUAG	>gma-miR396h MIMAT0021668 UCCACAGCUUUCUUGAACUG	>gma-miR5377 MIMAT0021618 CUGAAGGAUCGAUGUAGAAUGCU	>gma-miR390b-5p MIMAT0007361 AAGCUCAGGAGGGAUAGCACC

Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR169h MIMAT0021062 GGCGAGACAUCUUGGCUCAUU	>gma-miR5768 MIMAT0023165 AAGUGCAAUACUGAUCUUCGGAAC	>gma-miR169m MIMAT0021653 CAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	>gma-miR9744 MIMAT0036364 AAUGGAUAUGAGCUGCAUACA
>gma-miR1522 MIMAT0007383 UUUAUUGCUUAAAAUGAAAU	>gma-miR1508b MIMAT0010081 UAGAAAGGGAAAUAGCAGUUG	>gma-miR156c MIMAT0001674 UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	>gma-miR393k MIMAT0024918 UUCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC
>gma-miR10190 MIMAT0040955 UCCUGAUGACUAUUAUGAGCU	>gma-miR4382 MIMAT0018289 UAUGUUAACUGAUUUCAUGGAU	>gma-miR167b MIMAT0001680 UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	>gma-miR482c-3p MIMAT0021002 UUCCCAAUUCCGCCCAUUCCU
>gma-miR5041-3p MIMAT0032122 GUUGAGCAAGUUGAAGAUGAA	>gma-miR408b-5p MIMAT0021630 CUGGGAACAGGCAGGGCACG	>gma-miR4998 MIMAT0021016 AGUUUCGUGACUACAACUUCUG	>gma-miR482d-5p MIMAT0021671 UAUGGGGGGAUUGGGAAGGAAU
>gma-miR4368a MIMAT0018267 AAGACGGUACUUACCUCAGUAACA	>gma-miR9733 MIMAT0036353 UAACAGACUUAGAUUAACAGA	>gma-miR395c MIMAT0021626 CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	>gma-miR4386 MIMAT0018298 UCGAAGGUUCUGGAGAGGACUGCA
>gma-miR1528 MIMAT0007390 AUAGAUUAGAUCAAUAUAUUAGU	>gma-miR319f MIMAT0020994 UUGGACUGAAGGGGCCUCUU	>gma-miR4356 MIMAT0018248 CAGGACUGUCUUAGAAAGCCAGGC	>gma-miR5671b MIMAT0036348 UACCCGAAUUUGCUUCCAUGAU
>gma-miR4378b MIMAT0018284 UAGAACUGUCUUAGAAUGUGCUAC	>gma-miR396i-3p MIMAT0021670 GUUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	>gma-miR4416b MIMAT0023177 UGGGUGAGAGAAACGCGUAUC	>gma-miR168b MIMAT0020985 UCGCUUGGUGCAGGUCGGG
>gma-miR9767 MIMAT0036404 AUGGAAUGGUUACUUAUGAAAAGA	>gma-miR4371c MIMAT0018268 GACGUGACAGACGGAAUAUCACAU	>gma-miR10410c MIMAT0041705 UUUCCACAUCGUUGCUGACAUAAG	>gma-miR399h MIMAT0023251 UGCCAAAGGAGAGUUGCCCUG
>gma-miR1509b MIMAT0011201 UUAAUCAAGGAAAUCACGGUU	>gma-miR4375 MIMAT0018279 UACCACUAGUGGUCGCGCCUGGCA	>gma-miR4407 MIMAT0018326 CAGAGGAAGCAGCACUUGUACC	>gma-miR4992 MIMAT0021010 AUUCUAAGAUGGUUUUUGUUAG
>gma-miR4399 MIMAT0018315 UUAACGAAAAAGGACUAACGAC	>gma-miR4380b MIMAT0018287 UAUGGUCAUACGGAUUGUUGAU	>gma-miR4397-5p MIMAT0020953 CAUCGUUGACGCUGACUGUACG	>gma-miR169d MIMAT0018330 UGAGCCAAGGAUGACUUGCCGGU
>gma-miR166j-5p MIMAT0021647 GGAAUGUUGUUUGGCUCGAGG	>gma-miR4388 MIMAT0018300 AAUCUUAGGGACCAAAUUGACAGC	>gma-miR5373 MIMAT0021611 UCUCUUGAUUCUAGAUGAUGU	>gma-miR319c MIMAT0001691 UUGGACUGAAGGGAGCUCCU

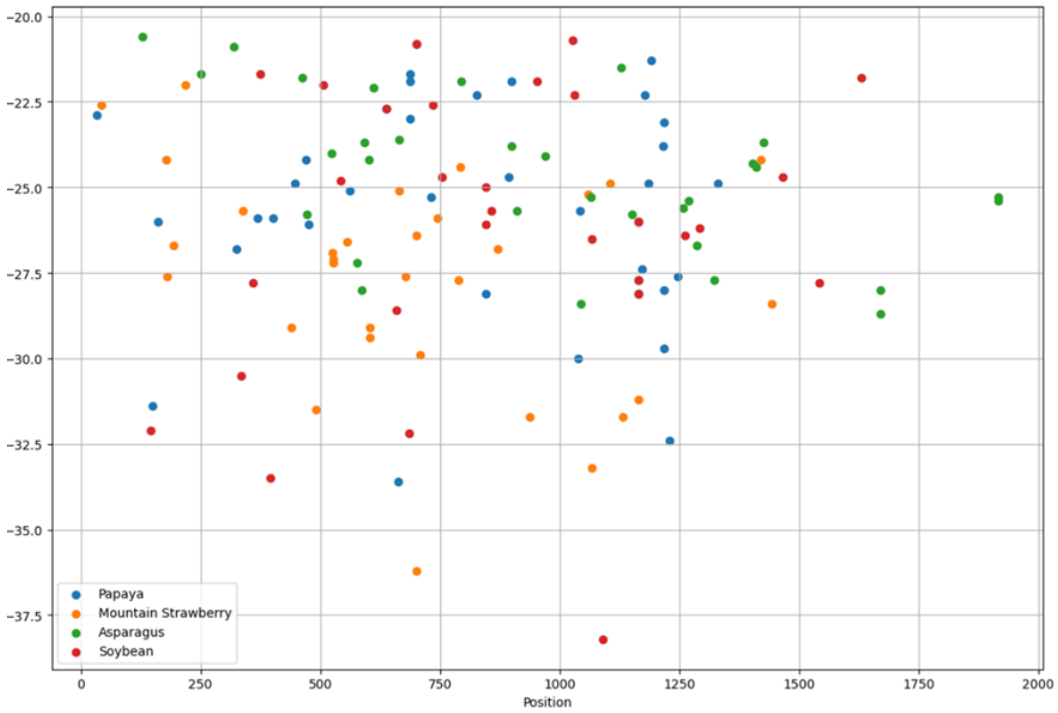
Tablo 4.4 Soya fasulyesi bitkisinin olgun miRNA dizileri (devamı)

>gma-miR5676 MIMAT0022462 UCGACACCAUAUGUAGAGGCAG	>gma-miR828a MIMAT0023195 UCUUGCUCAAAUGAGUAUUCCA	>gma-miR1516b MIMAT0021061 AGCUUCUCUACAGAAAAUAUA	>gma-miR482c-5p MIMAT0021001 AUUUGUGGGAAUGGGCUGAUUGG
>gma-miR1520r MIMAT0018313 UGUCACAUCCUGGUUGGACAUGAA	>gma-miR4364b MIMAT0018234 UAACAACAGCGGAAGAACCUUCUU	>gma-miR10187 MIMAT0040952 CGAGGAUAAUUGUUGGAACCA	>gma-miR396d MIMAT0018262 AAGAAAGCUGUGGGAGAAUAUGGC
>gma-miR4397-3p MIMAT0018312 UGUCAAAGAUGUGGCGAAUACU	>gma-miR156e MIMAT0001673 CUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	>gma-miR2108b MIMAT0010085 UUAAUGUGUUGUGUUUGUGAG	>gma-miR166a-5p MIMAT0020920 GGAAUGUUGUCUGGCUCGAGG
>gma-miR319j MIMAT0021664 UUGGACUGAAGGGAGCUCCCU			

4.3 miRNA Hedef Genlerinin Belirlenmesi

Kuşkonmaz bitkisinde dokuz enzimi hedefleyen 108 miRNA bulundu. miRNA'lar incelendiğinde en fazla dizi sayısının mir408 ve mir168 ailelerinde bulunduğu görüldü. Bununla birlikte dokuz enzim için papayada 61 miRNA tespit edildi. Diziler incelendiğinde; mir166, mir167 ve mir160 dizilerinin yüksek oranda bulunduğu görüldü. Dağ çileğinde de dokuz enzim için toplam 84 miRNA bulundu. Bu miRNA aileleri arasında en fazla diziye sahip olanların mir167 ve mir482 olduğu belirlendi. Son olarak soya fasulyesinde 370 miRNA bulundu. mir171 ve mir156 ailelerine ait dizi sayısının dokuz enzimi hedefleyen miRNA'lar arasında en fazla sayıda olduğu tespit edildi.

Belirlenen miRNA'ların hedefe bağlanma konumu ve minimum serbest enerji (MFE) değeri kullanılarak hedef dizinin miRNA bağlanma konumlarını gösteren bir dağılım grafiği oluşturuldu (Şekil 4.1). Dört bitki için en çok hedeflenen bölgelerin MFE'nin -20 ile -37.5 kcal/mol arasında ve nükleotit pozisyon aralığının 0-2000 nt olduğu tespit edildi. Her bitki türü için MFE değerlerini ve miRNA hedef bağlanma konumlarını karşılaştırıldığında papaya ve soya fasulyesinin benzer dağılımları sergilediği belirlendi. Kuşkonmaz genomunda belirlenen miRNA'ların da diğer bitkilere göre daha düşük MFE değerlerine sahip olduğu belirlendi.



Şekil 4.1 miRNA'ların hedefe bağlanma konumu ve MFE değerleri. X ekseni; miRNA'nın hedefe bağlanma konumunu, y ekseni ise her bitki türü için MFE değerini göstermektedir. Renkli noktalar dört faklı bitkiyi temsil etmektedir. Mavi, papaya; turuncu, dağ çileği; yeşil, kuşkonmaz; kırmızı, soya fasulyesi

Kuşkonmaz, papaya, dağ çileği ve soya fasulyesi bitkilerinin miRNA'larının hedef genleri RNA Hybrid programı kullanılarak belirlendi Analizler sonucunda;

i. sinamat-4-hidroksilaz enzimine ait; kuşkonmazda 14 tane, papayada 5 tane, dağ çileğinde 10 tane ve soya fasulyesinde 40 tane miRNA,

ii. kalkon izomeraz enzimine ait; kuşkonmazda 9 tane, papayada 4 tane, dağ çileğinde 5 tane ve soya fasulyesinde 56 tane miRNA,

iii. kalkon sentaz enzimine ait; kuşkonmazda 9 tane, papayada 6 tane, dağ çileğinde 16 ve soya fasulyesinde 49 tane miRNA,

iv. kafeoil CoA O-metiltransferaz enzimine ait; kuşkonmazda 12 tane, papayada 5 tane, dağ çileğinde 8 tane ve soya fasulyesinde 40 tane miRNA,

v. kafeik asit O-metiltransferaz enzimine ait; kuşkonmazda 16 tane, papayada 8 tane, dağ çileğinde 7 tane ve soya fasulyesinde 38 tane miRNA,

vi. flavonol sentaz enzimine ait; kuşkonmazda 11 tane, papayada 6 tane, dağ çileğinde 7 tane ve soya fasulyesinde 26 tane miRNA,

vii. fenilalanin amonyak liyaz enzimine ait; kuşkonmazda 16 tane, papayada 11 tane, dağ çileğinde 17 tane ve soya fasulyesinde 41 tane miRNA,

viii. aromatik-L-amino-asit dekarboksilaz enzimine ait; kuşkonmazda 11 tane, papayada 9 tane, dağ çileğinde 6 tane ve soya fasulyesinde 50 tane

ix. troponin redüktaz I enzimine ait; kuşkonmazda 10 tane, papayada 6 tane, dağ çileğinde 8 tane ve soya fasulyesinde 30 tane miRNA belirlendi (Tablo 4.5, 4.6, 4.7, 4.8).

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri

miRNA	İşlevi	Aksesyon numarası	RNA hybrid sonucu	MFE
aof-miR12150	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA	XM_020390323.1	target 5' C GUG CGGGCGGCG U 3' GCU UCGGCGA GCUGUUGA CGA AGCUGUU CGACAAUU miRNA 3' AA A 5'	-25.1 kcal/mol
aof-miR319b	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA	XM_020390323.1	target 5' C GUGC UGA G U 3' AGGAGC CCCU UCAG CCAAG UCCUCG GGGA AGUC GGUUU miRNA 3' A A 5'	-31.2 kcal/mol
aof-miR12145	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA	XM_020390323.1	target 5' C C GCGCGAAGUC CCA G 3' GGGCAU U GGGCUGACUUU UCU CUCGUA A UCUGGCUGAAG AGA miRNA 3' A 5'	-24.4 kcal/mol
aof-miR168b	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA	XM_020390323.1	target 5' G G UCCGUC C 3' GG CCGACCUGCGCC GAGCG CU GGCUGGACGUGG UUCGC miRNA 3' G U 5'	-36.2 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12160	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA	XM_020390323.1	target 5' A C CGC GCCGC U 3' GC UGACGGAGG UGUC UGGGGA CG ACUGCUUCU ACAG ACCUUU miRNA 3' A 5'	-26.8 kcal/mol
aof-miR408	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA	XM_020390323.1	target 5' G CU C CGAGACCGU U 3' GGCCGGGG GA GGU GGUGC UCGGUCCC CU CCG UCACG miRNA 3' UU U 5'	-31.7 kcal/mol
aof-miR12154	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA	XM_020390323.1	target 5' A GAGGGC CCCG U 3' GCUCA UGAGGGG CCACGG UGAGU ACUUCUU GGUGUU miRNA 3' AA A 5'	-22.6 kcal/mol
aof-miR2118b	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA.	XM_020390323.1	target 5' A A GG A G 3' GGAGAUG GGAGGU UCGG GAG UCUUUAC CCUCCG AGCC CUU miRNA 3' A A 5'	-33.2 kcal/mol
aof-miR12138	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone synthase 1-like (LOC109823892), mRNA.	XM_020390323.1	target 5' C CCC UACUG CCA G 3' GGGGGGC GCGA GA GGUGGAG CCCCCUG UGCU CU CCACCUU miRNA 3' A 5'	-31.7 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR482a	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' G GUUU A A G 3' UCGGA AUGGGGGG GUUG GGAG GGCCU UACCCUCC UAAC CUUU miRNA 3' G 5'	-29.9 kcal/mol
aof-miR12156	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' U C UGGU UU A 3' UUUA CGCGAU GUUUAC GGAG AGGU GCGCUG UAGAUG UCUC miRNA 3' A 5'	-22.0 kcal/mol
aof-miR399c	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' G AAAGAGCUUGGC A G 3' CUGCUAA GACGAGG UGUC GACGGUU CUGCUCC ACGG miRNA 3' G A G 5'	-27.6 kcal/mol
aof-miR408	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' C G UGU UAGAGAUU G A 3' GGC CAGG GAGGGGGC GGUG G UCG GUCC CUUCUCCG UCAC U miRNA 3' G 5'	-28.5 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR2118a	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' C GUCGGAGUUUA G A A G 3' GAGGAU UGGG GG GUUG GGAG UUCCUA AUCC CC UAGC CCUC miRNA 3' A G 5'	-26.4 kcal/mol
aof-miR2118b	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' C GU A AGAGAUUGG G 3' AG GUG GGGGGCU UGGGAA UC UAC CCUCCGA GCCCUU miRNA 3' A UU A 5'	-28.6 kcal/mol
aof-miR12144	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' A AGGU AA U 3' GGGUUC GGAGC GCUGUGA CUCAAG UCUUG CGGCACU miRNA 3' C C U 5'	-25.9 kcal/mol
aof-miR12138	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' A UA U A 3' GGGGGC GAGA UGGUGGGA CCCCUG CUCU ACCACCUU miRNA 3' C UG 5'	-33.7 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12166	PREDICTED: Asparagus officinalis chalcone--flavonone isomerase (LOC109850014), mRNA.	XM_020419910.1	target 5' A GUG G G 3' GGU AGG GGCUAGAGAUU CCA UCU UCGAUCUUUAG miRNA 3' C A G U 5'	-27.6 kcal/mol
aof-miR5139a	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' C C GAGC C 3' GGUG CGGGGUCGGG UUC CCAU GUCUCGGUCC AAG miRNA 3' A A A 5'	-27.1 kcal/mol
aof-miR12147	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' A CC A AA A 3' GCAAA GUCC UCACA UUCGA UGUUU CAGG AGUGU GAGCU miRNA 3' A A 5'	-24.2 kcal/mol
aof-miR12165	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' G GG UUCCAAGGGUACGG C G 3' GUCG GAGC GACUAAG UGCA CAGU CUCG CUGGUUC ACGU miRNA 3' AA 5'	-26.6 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR536	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' A UAAAAGAU U GA G U 3' ACGCAC GCAG CG GGC ACGA UGCGUG UGUC GC CCG UGCU miRNA 3' C A 5'	-27.7 kcal/mol
aof-miR166b	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' G AG ACGCGACGGUGCCGG G G 3' AGA GAGGUCU GGUC GGGA UCU CUUCGGA CCAG CUCU miRNA 3' UA G 5'	-27.2 kcal/mol
aof-miR166c	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' A A G G U 3' GGGGA GAA GCUUGG UUGA CCCCU CUU CGGACC GGCU miRNA 3' C A A 5'	-29.1 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12144	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' C UUC U CAG G 3' GGAGUUC GGGC GCCG GAG CCUCAAG CUUG CGGC CUU miRNA 3' CU A 5'	-26.3 kcal/mol
aof-miR166a	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' A AAG ACGCGACGGUGCCGG G G 3' GGAG GAGGUCU GGUC GGGA CCUU CUUCGGA CCAG CUCU miRNA 3' A G 5'	-26.9 kcal/mol
aof-miR166d	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' A GA G U 3' GGGGAA AGGCUUGG UUGA CCCCUU UUCGGACC GGCU miRNA 3' AC A 5'	-29.4 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12166	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' A ACG UA GCAG U 3' GGGU GGAC AGCU AGGGAUU CCCA UCUG UCGA UCUUUAG miRNA 3' A U 5'	-22.4 kcal/mol
aof-miR12171	PREDICTED: Asparagus officinalis flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase-like (LOC109820207), mRNA.	XM_020386312.1	target 5' C AA ACGG A G 3' UGCACAG CA UC ACAAGGA ACGUGUU GU AG UGUUCCU miRNA 3' GA A 5'	-25.2 kcal/mol
aof-miR2118c	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' G GCUGCCC AUUAUUC UGCCGAUACU U 3' GAGGA UGGG UGGCGU UGGGA UUCCU ACCC ACCGUA GCCUU miRNA 3' A U 5'	-24.2 kcal/mol
aof-miR319a	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' C CCC CGUCCCCAUC CAACUGGC G 3' GGG GCUCCC UUCGG UCCAG CCC CGAGGG AAGUC AGGUU miRNA 3' U U 5'	-26.7 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR160b	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' C UGCCGAU UU UUACU A 3' UGGCGU AC GGGA AUCGGGCG ACCGUA UG CCCU UGGUCCGU miRNA 3' U 5'	-28.4 kcal/mol
aof-miR12158	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' U G CCUGGU C G 3' GCUG GC GUCCAGAU ACCGA CGAU UG UAGGUCUA UGGUU miRNA 3' A U 5'	-24.9 kcal/mol
aof-miR12155	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' C AC CCCGCGAUGUGC C C 3' CCGG CUCG UCCA ACGCA GGCC GAGC AGGU UGUGU miRNA 3' C AA A 5'	-25.7 kcal/mol
aof-miR160a	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' A CCGUCUAC C A U C 3' UGGUGUUCA GG GAGC C GGCG ACCGUAAGU CC CUCG G CCGU miRNA 3' U 5'	-29.1 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR396a	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' C GAUG GACGAAGCGGGUCG G 3' CGGUUCG GGAA GGUCGUGGAG GUCAAGU UCUU UCGGCACCUU miRNA 3' 5'	-27.1 kcal/mol
aof-miR12176	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' A G UA ACUU U 3' UC GU A GUGUUACUGGAG AG UA U UACGAUGAUCUU miRNA 3' C G CG 5'	-21.2 kcal/mol
aof-miR828	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' C U CCU G C 3' AGG ACAUUC UC GAGUAGGA UCC UGUGAG AG UUCGUUCU miRNA 3' U U A 5'	-24.9 kcal/mol
aof-miR399c	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' C U G GUAG G AGC U 3' CCU C GA GAC GAGG UGCCC GGA G UU CUG CUCC ACGGG miRNA 3' C G A 5'	-26.8 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR2118a	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' U UUC UGCCGAUACU U 3' GGGAUUA UGGCGU UGGGA UCCUAAU ACCGUA GCCCU miRNA 3' U CC C 5'	-25.7 kcal/mol
aof-miR12148	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' U CCCC ACCAAC U 3' GACCGU UUCUUC AAGGUCG CUGGCA AAGAGG UUUUAGU miRNA 3' A A 5'	-20.0 kcal/mol
aof-miR396b	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' C GAUG GACGAAGCGGGUCG C G 3' CGGUUCG GGAA GGU GUGGAG GUCAAGU UCUU UCG CACCUU miRNA 3' A 5'	-22.1 kcal/mol
aof-miR156b	PREDICTED: Asparagus officinalis trans-cinnamate 4-monooxygenase-like (LOC109846559), mRNA.	XM_020415803.1	target 5' U AA G A 3' GUGUUCUUUGUCU UUUGU GA CACGAGAGAUAGA AGACA UU miRNA 3' G 5'	-26.6 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR160b	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' A CA UCACCCAUCA U 3' GGUGU ACGGGGAGCU AGGU CCGUA UGUCCCUUGG UCCG miRNA 3' A U 5'	-29.2 kcal/mol
aof-miR2275a	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' C A CAA U U 3' GAGGUG UG GGGAAGCC GAG CUCUAC AC UCCUUUGG CUU miRNA 3' A A C 5'	-26.8 kcal/mol
aof-miR171c	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' A AGAUG U U C 3' GGGGA AUUGAUGC G GCUCG CCUCU UAACUGCG C CGAGU miRNA 3' A U 5'	-26.8 kcal/mol
aof-miR160a	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' A CAA UCACCCAUCA U 3' GGUGU CGGGGAGCU AGGU CCGUA GUCCCUCGG UCCG miRNA 3' A A U 5'	-29.2 kcal/mol
aof-miR396a	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' G UGCCCAAAGAGGU GCUAGAGUUGCA A 3' CAGUUC GGAGGCU GUGGAG GUCAAG CUUUCGG CACCUU miRNA 3' UU 5'	-22.7 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR160c	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' A CA UCACCCAUCA U 3' GGUGU ACGGGGAGCU AGGU CCGUA UGUCCCUCGG UCCG miRNA 3' A U 5'	-31.6 kcal/mol
aof-miR12176	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' A G U CGCGUGCCUCAAGG U 3' UU AUGC GUGCU ACUGGAA AG UACG UACGA UGAUCUU miRNA 3' C G U 5'	-23.0 kcal/mol
aof-miR12168	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' C AG ACAUGCU C 3' GGCAG AAUCCGGUA GUCGA CCGUU UUAGGUUAU UAGUU miRNA 3' U G U 5'	-23.5 kcal/mol
aof-miR408	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' U CAA A U UGCUAG U G 3' GCC AG GG GGAGGC AGU GCA CGG UC CC UCUCCG UCA CGU miRNA 3' U U 5'	-26.3 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12165	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' G GA AGCAGCG U A C 3' GUCA UUGA GCGAUCA GG GCA CAGU AACU CGCUGGU UC CGU miRNA 3' A 5'	-22.0 kcal/mol
aof-miR536	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' U A AAGAA CC G 3' AUGCA AUGGCG GGU ACGA UGCGU UGUCGC CCG UGCU miRNA 3' C G A 5'	-23.5 kcal/mol
aof-miR2118b	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' G AGCU CU A UGACA G 3' GGAAG UGGGA G GCUUC GGGGA UCUUU ACCCU C CGAAG CCCUU miRNA 3' A 5'	-26.3 kcal/mol
aof-miR477a	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' G AG ACUGAGCUUCUGACA A 3' GGAAG CUUGGG GGGGAG CCUUC GAACUC CCUCUC miRNA 3' G GG A 5'	-27.0 kcal/mol
aof-miR396b	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' G UGCCCAAAGAGGU GCUAGAGUUGCA A 3' CAGUUC GGAGGCU GUGGAG GUCAAG CUUUCGA CACCUU miRNA 3' UU 5'	-22.7 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR477b	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' U C CAG AGGUUCGAUCACCGG G 3' GAGCUU UGA GGGAGA GAGA CUCGGA ACU CCCUCU CUCU miRNA 3' U A A 5'	-27.6 kcal/mol
aof-miR12137	PREDICTED: Asparagus officinalis phenylalanine ammonia-lyase (LOC109836343), mRNA.	XM_020404206.1	target 5' G GUAGA CU A 3' AGGCU GAUCUUGAAG GAUG UCUGG CUAGAACUUC CUAC miRNA 3' AG 5'	-27.3 kcal/mol
aof-miR8155	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' G CGAAAGAAU U CC G 3' UGG UCGGGGCC GGGU AC ACC AGUCUCGG UCCA UG miRNA 3' AU A 5'	-23.0 kcal/mol
aof-miR2118c	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' C GCGC A GAGGGGAGG G 3' GAGGAU GGUG GCA CGGGAG UUCCUA CCAC CGU GCCUUU miRNA 3' AC A 5'	-27.4 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12158	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' G CCAA UGG CGA A 3' GCU GCG CCGGA UGCCAG CGA UGU GGUCU AUGGUU miRNA 3' UA UA 5'	-20.7 kcal/mol
aof-miR168b	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' A G G GAA CAGGCUGCUGC G 3' GACCCGAC C GC ACCG GGCGG CUGGGCUG G CG UGGU UCGCU miRNA 3' A 5'	-30.3 kcal/mol
aof-miR12149	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' G UG GGG U C C A 3' GG GUG UGA UCA GGA GGCG UC CAU GCU AGU UCU UCGU miRNA 3' UG A U 5'	-22.0 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12175	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' G GGCG A G A 3' CUUU GG GAAGCUGGU CAA GAAG CU CUUUGACUA GUU miRNA 3' A A G 5'	-22.0 kcal/mol
aof-miR2118a	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' C GCGC A GAGGGGAGG G 3' GAGGAU GGUG GCA CGGGAG UUCCUA CCAC CGU GCCCUC miRNA 3' AU A 5'	-32.3 kcal/mol
aof-miR169b	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' C CAUGA GCACAAG U 3' GGUGAG GUCC UGGCUU CCGUUC UAGG ACCGAA miRNA 3' U AG A U 5'	-24.3 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR395a	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' C C G GUUCCGGAAG G 3' GGAGU U CCCGGA UACUUCA UCUCA G GGGUUU GUGAAGU miRNA 3' A G 5'	-24.8 kcal/mol
aof-miR12144	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' A UCAGGG GGGG G G 3' GGAGU UCGAGGGC GU GUGGG CCUCA AGCUCUUG CG CACUU miRNA 3' G 5'	-26.6 kcal/mol
aof-miR156a	PREDICTED: Asparagus officinalis aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like (LOC109844790), mRNA.	XM_020413920.1	target 5' A C AAAUA AAUGAAAAUAAUGUA U 3' UG CUCA UCUCU UCUGUC AC GAGU AGAGA AGACAG miRNA 3' C G U 5'	-22.8 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR2118c	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' A GAA C CUCU A C 3' AGGGA G GGUGGU UC GGGAA UUCCU C CCACCG AG CCUUU miRNA 3' AA U 5'	-25.0 kcal/mol
aof-miR12174	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' C U AAGUCA U 3' UUCU UCAAUCCA GGAAAAU GAGA AGUUAGGU UCUUUUG miRNA 3' A U C 5'	-23.1 kcal/mol
aof-miR169c	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' C UA UAAAUAUC CAAUCGCUG C 3' AGGCAA UCG UCCU GGCUA UCCGUU AGU AGGA CCGAU miRNA 3' C A 5'	-21.4 kcal/mol
aof-miR12157	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' C U CAGGGAACAAC C 3' GGUGGUC CUU AGCUCUAGU UCAUUAG GGA UUGAGAUUA miRNA 3' U U 5'	-20.5 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR390	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' A AGGCAAUAUCGUAAA U AAUCG A 3' GGUGC UAUC CCUC CUGGGCU CCGCG AUAG GGAG GACUCGA miRNA 3' A 5'	-27.9 kcal/mol
aof-miR169a	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' C U UAAAUAUC CAAUCGCUG C 3' AGGCAA AUCG UCCU GGCUA UCCGUU UAGU AGGA CCGAU miRNA 3' A A 5'	-24.0 kcal/mol
aof-miR12154	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' U GG GUA U 3' CUUGUU GA GGAGUCUACG GAGUAA CU UCUUAGGUGU miRNA 3' U A U 5'	-20.5 kcal/mol
aof-miR12146	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' A A GCAGAGCC GACUG C 3' CGGUG UG UCUAU GCAGA GUCAC AC AGAUG CGUCU miRNA 3' AU A 5'	-20.9 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR2118b	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' G A C U CUC A C 3' GGAGA G GG GGU UUC GGGAA UCUUU C CC CCG AAG CCCUU miRNA 3' A A U 5'	-24.8 kcal/mol
aof-miR159	PREDICTED: Asparagus officinalis tropinone reductase 1-like (LOC109842693), mRNA.	XM_020411548.1	target 5' C ACACUAU G 3' AGA CUUCUUUCAAUCCAAA UCU GAGGGAAGUUAGGUUU miRNA 3' A C 5'	-26.1 kcal/mol
aof-miR5139b	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' U AUU U AU G 3' UGG UGUUAGAGCU GG UUGAU ACC AUAGUCUCGG CC AACUA miRNA 3' U 5'	-25.8 kcal/mol
aof-miR12161	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' C G UG U C G 3' UGC CCGG GUGAAG AC UG GCG GGUU CACUUU UG GC miRNA 3' A UG A 5'	-23.4 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR2275c	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' G CCC A 3' GAGGUGUUGGAGGAA UCAAG CUCUAUAACCUCCUU AGUUU miRNA 3' A U 5'	-32.0 kcal/mol
aof-miR168a	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' G G UGGA G 3' U UUGACUUGCACCG GGCGA A GGCUGGACGUGGU UCGCU miRNA 3' A G 5'	-32.6 kcal/mol
aof-miR482a	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' G UGUUG U A 3' UGGA G GGAGGUGUUGGAGG GCCU C CCUCCGUAACCUUU miRNA 3' G UA 5'	-30.9 kcal/mol
aof-miR168b	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' U UG UGGA G 3' G UUGACUUGCACCG GGCGA C GGCUGGACGUGGU UCGCU miRNA 3' UG 5'	-35.1 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR2275b	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' G C UCA U 3' GAGGUGUUGGAGGAA CC AGA CUCUAUAACCUCCUU GG UCU miRNA 3' A U 5'	-33.0 kcal/mol
aof-miR12149	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' U G AGGAACCC GAUGAUACUCC U 3' GGA GUGUUGG UCAA AGAAGCA UCU CAUAGCU AGUU UCUUCGU miRNA 3' G 5'	-23.8 kcal/mol
aof-miR171b	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' C G GA GUUGGAGGAACCC G 3' GUG AUGUUGGUG GGU UCAA CAC UAUAACCGC CCG AGUU miRNA 3' U G 5'	-24.1 kcal/mol
aof-miR167c	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' A G UGAGGC G A G 3' GGAU A UGCUGGC AGUU CA UCUA U ACGACCG UCGA GU miRNA 3' G G A 5'	-24.3 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR167a	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' A G UGAGGC G A G 3' GGAU A UGCUGGC AGUU CA UCUA U ACGACCG UCGA GU miRNA 3' A G A 5'	-24.3 kcal/mol
aof-miR2118a	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' U AUUG AA CC G 3' GAGGA UUGG GGCAUUG GGAG UUCCU AAUC CCGUAGC CCUC miRNA 3' CA 5'	-27.4 kcal/mol
aof-miR395a	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' C CCCGGCGCUUCCUUG GAGAU GC G 3' GGGU UCCCCCGGA CGCU UCA CUCA AGGGGGUUU GUGA AGU miRNA 3' U 5'	-25.3 kcal/mol
aof-miR12144	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' C GGG G GGAAGUAUGGGGCU G U 3' GGAG U GAGA GCGCC GUGG CCUC A CUCU UGCGG CACU miRNA 3' A G U 5'	-26.7 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12137	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' G GCG G C C A 3' AGGCU UCGAU CU GA AGGAUG UCUGG AGCUA GA CU UCCUAC miRNA 3' A 5'	-24.9 kcal/mol
aof-miR535	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeic acid 3-O-methyltransferase -like (LOC109820654), mRNA.	XM_020386833.1	target 5' A CGA C 3' UGUGCUU UCUUGUUGUC GCACGAG AGAGCAACAG miRNA 3' C AG U 5'	-28.7 kcal/mol
aof-miR12145	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' U GCCCCCUGAAGA A CC G 3' GAGCGU AGGCC GCU UCUCU CUCGUA UCUGG UGA AGAGA miRNA 3' AA C 5'	-24.3 kcal/mol
aof-miR168b	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' C G AA CAA C G 3' GAC CCGAC GC ACUA GGCGA CUG GGCUG CG UGGU UCGCU miRNA 3' GA 5'	-28.4 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR12156	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' C G AG UGGGCUCAC C 3' UC GU GCGA CAUCUGCAGG AG UA CGCU GUAGAUGUCU miRNA 3' G G C 5'	-24.2 kcal/mol
aof-miR399b	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' A A C GAUCUCUAUGACU U 3' GG GCCGAAGGA GAG UUGCAU CC CGGUUUCCU CUC AACGUG miRNA 3' A 5'	-28.4 kcal/mol
aof-miR167b	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' U C AGCCUG U 3' UCGGA UUAUG UGGCAGUUUC AGUCU AGUAC ACCGUCGAAG miRNA 3' G U 5'	-28.6 kcal/mol
aof-miR12154	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' A GGGAG GAGA A A 3' ACUCA UUGA GGAG CCAUGA UGAGU AACU UCUU GGUGUU miRNA 3' A A 5'	-21.1 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR167c	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' U C AGCCUG U 3' CGGA UUAUG UGGCAGUUUC GUCU AGUAC ACCGUCGAAG miRNA 3' G U 5'	-26.1 kcal/mol
aof-miR167a	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' C C AGCCUG U 3' GGA UUAUG UGGCAGUUUC UCU AGUAC ACCGUCGAAG miRNA 3' A G U 5'	-25.6 kcal/mol
aof-miR12148	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' A UG GCUUG U 3' G UGUUU UUCUUAAGGUCG C GCAAA GAGGAUUUUAGU miRNA 3' UG A 5'	-21.9 kcal/mol
aof-miR12143	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' U CGGUAGGCGAUG CACCAUCUGCAG U 3' CGCAGGUCU GGCU GCGCCUG GCGUCUAGG UUGA CGUGGGC miRNA 3' U 5'	-27.2 kcal/mol

Tablo 4.5 Kuşkonmaz miRNA'larının hedef genleri (devamı)

aof-miR535	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' A GCUUGU AAGG A A 3' GUGUGUUU UCUU UCGUUG CA CGCACGAG AGAG AGCAAC GU miRNA 3' A 5'	-23.1 kcal/mol
aof-miR482c	PREDICTED: Asparagus officinalis caffeoyl-CoA O-methyltransferase -like (LOC109830123), mRNA.	XM_020397281.1	target 5' U CG U AGCAAC G A G 3' GGGGA G GGC GGAG AGG CGA CCCCU C CCG CCUC UCC GUU miRNA 3' UA A 5'	-30.6 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri

miRNA	İşlevi	Aksesyon numarası	RNA hybrid sonucu	MFE
cpa-miR319	PREDICTED: Carica papaya chalcone synthase (LOC110813035), mRNA.	XM_022040026.1	target 5' G C UCGGAU G 3' GGAGU CUCU UCGGUCCAG CCUCG GGGA AGUCAGGUU miRNA 3' A A 5'	-28.1 kcal/mol
cpa-miR159a	PREDICTED: Carica papaya chalcone synthase (LOC110813035), mRNA.	XM_022040026.1	target 5' G C GAUUCG U 3' GGAGU CUCUUCG GUCCAGG UCUCG GGGAAGU UAGGUUU miRNA 3' A A 5'	-26.0 kcal/mol
cpa-miR159b	PREDICTED: Carica papaya chalcone synthase (LOC110813035), mRNA.	XM_022040026.1	target 5' G C GAUUCG U 3' GGAGU CUCUUCG GUCCAGG CCUCG GGGAAGU UAGGUUC miRNA 3' A 5'	-27.7 kcal/mol
cpa-miR162a	PREDICTED: Carica papaya chalcone synthase (LOC110813035), mRNA.	XM_022040026.1	target 5' U UU GU U GCCGCUGCAGUCA C 3' CUG UG GA GGU UUGUCGG GAC AC CU CCA AAUAGCU miRNA 3' CU GU 5'	-20.8 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR393	PREDICTED: Carica papaya chalcone synthase (LOC110813035), mRNA.	XM_022040026.1	target 5' A CC C A CCG C 3' GAUCA GC GUC CUUU UGGA CUAGU CG UAG GGAA ACCU miRNA 3' C UA C 5'	-22.7 kcal/mol
cpa-miR395b	PREDICTED: Carica papaya chalcone synthase (LOC110813035), mRNA.	XM_022040026.1	target 5' U CUCCG CCGU U 3' GGGU UCCCU CAAGCGCUUCA CUCA AGGGG GUUUGUGAAGU miRNA 3' 5'	-27.4 kcal/mol
cpa-miR166b	PREDICTED: Carica papaya chalcone synthase (LOC110813035), mRNA.	XM_022040026.1	target 5' U CCUCUUCG UUC U A C 3' GGGGAGU GA GG CC GGUCUGA CCCCUUA CU UC GG CCAGGCU miRNA 3' A 5'	-27.7 kcal/mol
cpa-miR8139e	PREDICTED: Carica papaya probable chalcone--flavonone isomerase 3 (LOC110819303,transcript variant X1, mRNA.	XM_022048442.1	target 5' U UCU A U A 3' UUCGAUA CCC UCUUUA CUGGGA AAGUUGU GGG AGGAGU GGUCCU miRNA 3' C C 5'	-27.6 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR164d	Carica papaya probable chalcone--flavonone isomerase 3 (LOC110819303), transcript variant X1, mRNA.	XM_022048442.1	target 5' U GAGA CAACCA UCUUCAUG U 3' UGCA UGU GCUUCU CUUCUCCA ACGU GCA CGAGGG GAAGAGGU miRNA 3' 5'	-25.0 kcal/mol
cpa-miR164a	Carica papaya probable chalcone--flavonone isomerase 3 (LOC110819303), transcript variant X1, mRNA.	XM_022048442.1	target 5' U GAGA CAACCA CUUCUUCA U 3' UGCA UGU GCUU UGCUUCUCCA ACGU GCA CGGG ACGAAGAGGU miRNA 3' 5'	-26.1 kcal/mol
cpa-miR393	Carica papaya probable chalcone--flavonone isomerase 3 (LOC110819303), transcript variant X1, mRNA.	XM_022048442.1	target 5' A CG U CCAAGCCACU C U 3' GAUCA G CG GUCUCUU UGGG CUAGU C GC UAGGGAA ACCU miRNA 3' C UA 5'	-22.4 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR8155	PREDICTED: Carica papaya flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC110816514), mRNA.	XM_022044736.1	target 5' A UC UC U 3' GGU CAGGGC CAGGUU CCA GUCUCG GUCCAA miRNA 3' A UA U 5'	-24.7 kcal/mol
cpa-miR159a	PREDICTED: Carica papaya flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC110816514), mRNA.	XM_022044736.1	target 5' G AGACAAUCG UAUCAUC C 3' AGAGUUC CCU UCAAUCCAAA UCUCGAG GGA AGUUAGGUUU miRNA 3' A 5'	-25.8 kcal/mol
cpa-miR396	PREDICTED: Carica papaya flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC110816514), mRNA.	XM_022044736.1	target 5' C GCA ACUGUU A C 3' CGGU CAA GAAGGCU UGGAA GUCA GUU CUUUCGA ACCUU miRNA 3' A C 5'	-21.7 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR477	PREDICTED: Carica papaya flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC110816514), mRNA.	XM_022044736.1	target 5' A GGAAGAAAAAG GUAUGCUAAAC G 3' GCUUCCCCA AGGU CCUCCGGU CGAGGGGGU UUCA GGAGGUUA miRNA 3' 5'	-30.5 kcal/mol
cpa-miR395b	PREDICTED: Carica papaya flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC110816514), mRNA.	XM_022044736.1	target 5' A ACA U CA U 3' AGU UCCCUCA GCACU UCA UCA AGGGGGU UGUGA AGU miRNA 3' C U 5'	-25.7 kcal/mol
cpa-miR8143	PREDICTED: Carica papaya flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC110816514), mRNA.	XM_022044736.1	target 5' G GUUUUAGGGGUGGCG A CCGA C 3' GCCUGAUCUG CCGC CA UCUUUC UGGACUAGAC GGUG GU AGAGAG miRNA 3' A A 5'	-32.2 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR8146	PREDICTED: Carica papaya trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC110823746), mRNA.	XM_022054210.1	target 5' U G UC G C 3' UUGGCU UCU UUCGCCGUC UUCU AACCGA AGA GAGUGGCAG AAGG miRNA 3' U A 5'	-32.1 kcal/mol
cpa-miR319	PREDICTED: Carica papaya trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC110823746), mRNA.	XM_022054210.1	target 5' A U A ACUCAGGGAGUGGAG G G 3' GG GCUCC C UUCG GUCCAG CC CGAGG G AAGU CAGGUU miRNA 3' U A 5'	-24.3 kcal/mol
cpa-miR166e	PREDICTED: Carica papaya trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC110823746), mRNA.	XM_022054210.1	target 5' A CG A 3' GGGAGUGGAGUU GGUCC CCCUUACUUCGG CCAGG miRNA 3' C A 5'	-33.5 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR396	PREDICTED: Carica papaya trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC110823746), mRNA.	XM_022054210.1	target 5' A UUGGAA CAAG G 3' GGUUU GAGGAGGC GUGGAG UCAAG UUCUUUCG CACCUU miRNA 3' G A 5'	-25.2 kcal/mol
cpa-miR164a	PREDICTED: Carica papaya trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC110823746), mRNA.	XM_022054210.1	target 5' A UG GAGAAGAAGC GGAAUAAUUCUG G A 3' GU G UGCCCU GCUUU CCA CG C ACGGGA CGAAG GGU miRNA 3' A UG A 5'	-25.3 kcal/mol
cpa-miR8140	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' A GAACU GCUCACCGGC G 3' GGAGCUGG GGUUU GAGAAG CUUCGACU UCAGA CUUUUC miRNA 3' A A 5'	-21.8 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR172a	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' G G UUCACC G 3' GC AGC CAUCAAGGUUCU CG UCG GUAGUUCUAAGG miRNA 3' A UA G 5'	-26.2 kcal/mol
cpa-miR408	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' A CUA AGU U GAAA C 3' CCAGG GA GGAGGC G UGCAG GGUCC CU UCUCCG C ACGUC miRNA 3' C U 5'	-27.8 kcal/mol
cpa-miR166e	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' G CA CG CACCCAUCAA U 3' GGGGA AUGG AGCUU GGUUC CCCCU UACU UCGGA CCAGG miRNA 3' 5'	-24.2 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR390a	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' C A CAA ACAAGAUCG U 3' GGC GCU UCUUCC GAGCUU CCG CGA GGGAGG CUCGAA miRNA 3' UA A 5'	-24.7 kcal/mol
cpa-miR164a	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' G CAUCACUGCCUCCG A CCCC U 3' GCAC GUG CCUUGUU UCUCC CGUG CAC GGGACGA AGAGG miRNA 3' A U 5'	-27.0 kcal/mol
cpa-miR167d	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' A AAAGUCUUAU GGGGACAA G C 3' UUAGA UCAUG UGGC AGCUUCA AGUCU AGUAC ACCG UCGAAGU miRNA 3' G 5'	-26.4 kcal/mol
cpa-miR477	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260,mRNA.	XM_022032339.1	target 5' A GUUUACCUCU GCACCAUCACUG G 3' CUCCCU CAGAG CCUCCGGU GAGGGG GUUUC GGAGGUUA miRNA 3' C A 5'	-26.8 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR167b	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' A AACAC CG CAUC A 3' UGGAU C GUUGGC GCUUCA AUCUA G CGACCG CGAAGU miRNA 3' UA U 5'	-25.7 kcal/mol
cpa-miR8135	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' C AA U G 3' UCAG CUGCAA AUCUU AGUU GACGUU UAGGA miRNA 3' U GG U 5'	-22.3 kcal/mol
cpa-miR156e	PREDICTED: Carica papaya phenylalanine ammonia-lyase (LOC110807260), mRNA.	XM_022032339.1	target 5' C AGAACUGCAA GCAAACC C 3' UGCUC UAUCUU CUGUCA ACGAG AUAGAA GACAGU miRNA 3' C AG U 5'	-20.7 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR8138	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' A CUAAUAGUAG GG G 3' UUAUCCUU UGUUGCU AUUUUUG AAUAGGAA ACAAUGG UAGAAAU miRNA 3' 5'	-22.0 kcal/mol
cpa-miR8139e	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' C G UGGA UGAU CU A 3' UCAACA CCG UCCUU GGCU GGGA AGUUGU GGC AGGAG UCGG UCCU miRNA 3' A G 5'	-32.6 kcal/mol
cpa-miR408	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' U AU AAUCCAUC AGAAU G 3' GCCAG AGGAGG CAG UGCAG CGGUC UUCUCC GUC ACGUC miRNA 3' CC 5'	-26.4 kcal/mol
cpa-miR166e	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' U GAA CU G C 3' GGGA AUG AAGU CUGGUCU CCCU UAC UUCG GACCAGG miRNA 3' C 5'	-24.5 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR393	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' U CGG UUA GAAACUG U 3' GGA CGAU GAUCCUU UGGA CCU GUUA CUAGGGA ACCU miRNA 3' A CG A 5'	-22.9 kcal/mol
cpa-miR167c	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' G AAUGCUAA CUCAACAUAGUG G 3' GAGA GUGCUGGU GGUUUCA UUCU UACGACCG UCGAAGU miRNA 3' AG 5'	-24.8 kcal/mol
cpa-miR477	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' U G AAAUAG A C 3' GC CC UCCAGAGUC UUCCAG CG GG GGGUUUCAG GAGGUU miRNA 3' A A 5'	-25.5 kcal/mol
cpa-miR167b	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' G GAAAUGCUAA CUCAACAUAGUG G 3' GGA GUGCUGGU GGUUUCA UCU UACGACCG UCGAAGU miRNA 3' A AG 5'	-24.5 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR8141	PREDICTED: Carica papaya tyrosine decarboxylase 1 (LOC110811546),mRNA	XM_022038078.1	target 5' G UG AU AAGUGCUUGUAUA G 3' A CGGCCU GCUGG UGUCCA U GUCGGA UGAUC AUAGGU miRNA 3' UG 5'	-26.5 kcal/mol
cpa-miR160d	PREDICTED: Carica papaya tropinone reductase homolog At5g06060 (LOC110819349), mRNA.	XM_022048509.1	target 5' G C U A U 3' UGGCA UCG GGA UUGGGCA ACCGU AGU CCU GGUCCGU miRNA 3' A C C 5'	-27.8 kcal/mol
cpa-miR8155	PREDICTED: Carica papaya tropinone reductase homolog At5g06060 (LOC110819349), mRNA.	XM_022048509.1	target 5' G GAGGAAUUGG UGGAGC U 3' UGGUG CGGAGCU GGUUG ACCAU GUCUCGG CCAAU miRNA 3' A U 5'	-22.8 kcal/mol
cpa-miR159b	PREDICTED: Carica papaya tropinone reductase homologAt5g06060 (LOC1108193	XM_022048509.1	target 5' U GG G CACAU G 3' GGAGC UU UUCA GUUCGAG CCUCG GG AAGU UAGGUUC miRNA 3' A G 5'	-22.6 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR156b	PREDICTED: Carica papaya tropinone reductase homolog At5g06060 (LOC110819349), mRNA.	XM_022048509.1	target 5' U AU G 3' UGU UCA UUUCUUCUGUU ACG AGU AGAGAAGACAG miRNA 3' C G U 5'	-22.6 kcal/mol
cpa-miR393	PREDICTED: Carica papaya tropinone reductase homolog At5g06060 (LOC110819349), mRNA.	XM_022048509.1	target 5' A UAAUAC U AUGAA G U 3' GGAU CAAUG CGG UCCCUU UGG CCUA GUUAC GCU AGGGAA ACC miRNA 3' U 5'	-23.5 kcal/mol
cpa-miR8135	PREDICTED: Carica papaya tropinone reductase homolog At5g06060 (LOC110819349), mRNA.	XM_022048509.1	target 5' G UCUUUGUCUUUUGG GGGCAAAAAU G 3' AUUAACCU UGCAAA AUCCU UAGUUGGG ACGUUU UAGGA miRNA 3' 5'	-21.1 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR169	PREDICTED: Carica papaya caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC110823164), mRNA.	XM_022053485.1	target 5' A GUGAUUGUAGCAGAA G UCCGG C 3' CGGUAAG U CAUUCU UGGCU GCCGUUC A GUAAGA ACCGA miRNA 3' C 5'	-21.9 kcal/mol
cpa-miR160d	PREDICTED: Carica papaya caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC110823164), mRNA.	XM_022053485.1	target 5' A GGCCA U 3' GGCAUU AGGGAGCCGGGU CCGUAA UCCCUCGGUCCG miRNA 3' A G U 5'	-38.7 kcal/mol
cpa-miR8155	PREDICTED: Carica papaya caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC110823164), mRNA.	XM_022053485.1	target 5' U CC AG C 3' UGG A GGAGCCGGGUU ACC U UCUCGGUCCAA miRNA 3' A AG U 5'	-26.3 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR159a	PREDICTED: Carica papaya caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC110823164), mRNA.	XM_022053485.1	target 5' C ACGGGAUGACUG GAUUAUCAUGGCACA A 3' AGGGCUU CCUUU GAUCCAAG UCUCGAG GGAAG UUAGGUUU miRNA 3' A 5'	-23.2 kcal/mol
cpa-miR390a	PREDICTED: Carica papaya caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC110823164), mRNA.	XM_022053485.1	target 5' A GG U AACA A 3' GGUG AU CCCUUU GGGCUU CCGC UA GGGAGG CUCGAA miRNA 3' GA A 5'	-25.5 kcal/mol
cpa-miR393	PREDICTED: Carica papaya caffeic acid 3-O-methyltransf erase (LOC110823164), mRNA.	XM_022053485.1	target 5' A G UU AGGUGGGAU AACA C 3' GAU CAGUGC GA UCCCUUU GGG CUA GUUACG CU AGGGAAA CCU miRNA 3' C 5'	-22.1 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR160c-5p	PREDICTED: Carica papaya caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC110823164), mRNA.	XM_022053485.1	target 5' A UGGCCA U 3' GGCAU AGGGAGCCGGGU CCGUA UCCCUCGGUCCG miRNA 3' A UG U 5'	-38.2 kcal/mol
cpa-miR166b	PREDICTED: Carica papaya caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC110823164), mRNA.	XM_022053485.1	target 5' C C C C CUAC U C 3' GG GGAGU GAG GUCU GGUC CGG CC CCUUA CUU CGGA CCAG GCU miRNA 3' 5'	-24.7 kcal/mol
cpa-miR8140	PREDICTED: Carica papaya caffeoyl-CoA O-methyltransferase 2 (LOC110806685), mRNA.	XM_022031604.1	target 5' A CCACAAA GU C C 3' GAAGUUGG AGUCU UG AGAG CUUCGACU UCAGA AC UUUC miRNA 3' A U 5'	-20.8 kcal/mol
cpa-miR160d	PREDICTED: Carica papaya caffeoyl-CoA O-methyltransferase 2 (LOC110806685), mRNA.	XM_022031604.1	target 5' A A AGACUUCGUUUU CAACA C 3' GGUAUU CAG GGAGCU AGGCG CCGUAA GUC CCUCGG UCCGU miRNA 3' A 5'	-28.4 kcal/mol

Tablo 4.6 Papaya miRNA'larının hedef genleri (devamı)

cpa-miR8148	PREDICTED: Carica papaya caffeoyl-CoA O-methyltransferase 2 (LOC110806685), mRNA.	XM_022031604.1	target 5' C G A C G CCGAUGAGGAAAUAU G 3' GUG CGC G CAGCAGAU CG GUCA UAC GUG C GUCGUCUG GU CAGU miRNA 3' G A G 5'	-28.6 kcal/mol
cpa-miR8141	PREDICTED: Carica papaya caffeoyl-CoA O-methyltransferase 2 (LOC110806685), mRNA.	XM_022031604.1	target 5' U AUA GAGACCAGUGU A 3' ACCAGU UACUG GUAUCCG UGGUCG AUGAU CAUAGGU miRNA 3' U G 5'	-25.1 kcal/mol
cpa-miR160c-5p	PREDICTED: Carica papaya caffeoyl-CoA O-methyltransferase 2 (LOC110806685), mRNA.	XM_022031604.1	target 5' A U AGACUUCGUUUU CAACA C 3' GGUA UACAG GGAGCU AGGCG CCGU AUGUC CCUCGG UCCGU miRNA 3' A 5'	-28.6 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri

miRNA	İşlevi	Aksesyon numarası	RNA hybrid sonucu	MFE
fve-miR11314	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' U UU AUAACGCAACAACA C 3' UUCAU GCAUU CACAGCUC AAGUA CGUAG GUGUUGAG miRNA 3' U U A 5'	-22.9 kcal/mol
fve-miR408	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' U A G U A CU G 3' GG C AGG GAGGAGG GGU GCA UC G UCC CUUCUCC UCA CGU miRNA 3' G G 5'	-27.4 kcal/mol
fve-miR11286	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' G A AUAUGUA C 3' GUUG UCUGCU UUCUUUCCA UAAC AGAUGA GAGAGAGGU miRNA 3' G U 5'	-24.9 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR164a-3p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' C CUG CAACC U 3' UUGG AGAA GGGGGGCACGUG AACC UCUU CCCCUCGUGCAC miRNA 3' C 5'	-33.6 kcal/mol
fve-miR168-3p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' C C GACAAGACAU U 3' UUCA UUGAUGCAA GGUGG AAGU AACUACGUU CCGCC miRNA 3' U C C 5'	-25.9 kcal/mol
fve-miR156i	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' C GU GC AGA C 3' GUGUUCUC UGUUU UCUG UCA CACGAGAG AUAGA AGAC AGU miRNA 3' 5'	-21.7 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11298	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' C GC UUCGUGAA CACAUUUCACCU A 3' GG AUC GUUGGGCU CCUCAA CC UAG CAAUUCGG GGAGUU miRNA 3' AU 5'	-21.9 kcal/mol
fve-miR160b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' A UCAAC CG UCC CCGUCUU C 3' GGC GUGC AGGG GGCCA GGC CCG UAUG UCCC UCGGU CCG miRNA 3' A U 5'	-26.0 kcal/mol
fve-miR397	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' C G U C A 3' CAUCGACG GCA CUU GUGA GUAGUUGC CGU GAG UACU miRNA 3' GA U 5'	-24.7 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11296	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' U G UGGGCUCACC C 3' UUGGAUUC GGCC GUCGAGA GACCUAAG UCGG UAGUUUU miRNA 3' U G U 5'	-27.6 kcal/mol
fve-miR156h	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' C GAAG UGGGCCUCCGCCCG C A 3' AGCUCAC CUCU UC GUCA UCGAGUG GAGA AG CAGU miRNA 3' C A A 5'	-25.1 kcal/mol
fve-miR11288b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' G UUAAG GGGGUCA G A 3' GCCA GAAU GCCCAA UCCA UGGU UUUA CGGGUU GGGU miRNA 3' AG A 5'	-24.2 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR167d	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' A AUCCUAG GUGAGUACA C C 3' GAGA CAUGU UGGCA CUUCA CUCU GUACG ACCGU GAAGU miRNA 3' A A C 5'	-25.9 kcal/mol
fve-miR156f	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' C GU GC AGA C 3' GUGUUCUC UGUUU UCUG UCA CACGAGAG AUAGA AGAC AGU miRNA 3' U 5'	-21.9 kcal/mol
fve-miR2111b-3p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' A A AGGCUCAACG G C 3' GG AGUCCGCA U CCGAGGGU CC UUAGGCGU A GGUUCCCG miRNA 3' A G 5'	-31.4 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR396e	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca polyketide synthase 1 (LOC101298456), mRNA.	XM_004306495.2	target 5' A GAG CAGCUAA C 3' GGU GAGGAGGUCUG UGGG UCA UUCUUUCGGAC ACCU miRNA 3' AG U 5'	-22.3 kcal/mol
fve-miR482b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca chalcone--flavonone isomerase 1 (LOC101292744), mRNA.	XM_004307403.2	target 5' U AG A GGCCG UUGAC G 3' GGA GGCA GAC AGGAG AGA CCU CCGU CUG UCCUU UCU miRNA 3' UA C A 5'	-26.0 kcal/mol
fve-miR166d-5p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca chalcone--flavonone isomerase 1 (LOC101292744), mRNA.	XM_004307403.2	target 5' A UU UGGC U A 3' UGGAUCA GACGAU UUC CC GCUUGGU CUGCUG AAG GG miRNA 3' A U 5'	-22.7 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11312	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca chalcone--flavonone isomerase 1 (LOC101292744), mRNA.	XM_004307403.2	target 5' A U U U 3' GA CUCUUCCCA AUAGCUUU UU GAGAGGGGU UGUCGAGG miRNA 3' A U 5'	-28.0 kcal/mol
fve-miR11288b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca chalcone--flavonone isomerase 1 (LOC101292744), mRNA.	XM_004307403.2	target 5' U UU GAU U A 3' GCU AGUUUGU CUA UCCCA UGG UUAAGCG GGU AGGGU miRNA 3' UU U 5'	-22.4 kcal/mol
fve-miR156f	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca chalcone--flavonone isomerase 1 (LOC101292744), mRNA.	XM_004307403.2	target 5' A AAU CCAACCCUUCCCCAG GU C 3' UGCUCUC UCU UC UGUCA ACGAGAG AGA AG ACAGU miRNA 3' C AU U 5'	-21.5 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR845	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC101295969), mRNA.	XM_004290789.2	target 5' G GGG AC AGCAGG C 3' CAG GGUGUC AGAGCU GGU GUU CCAUAG UCUCGG CCA miRNA 3' AA A 5'	-23.4 kcal/mol
fve-miR482b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC101295969), mRNA.	XM_004290789.2	target 5' U GGUUAC ACAUUUUUGCAGA A GGA A 3' GGAG GGU AGG ACU AGGGAAGA CCUU CCG UCC UGA UCCUUUCU miRNA 3' A 5'	-23.1 kcal/mol
fve-miR2109	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC101295969), mRNA.	XM_004290789.2	target 5' G G A AC C 3' UUC AGAG GU AAGACAUUUGC AAG UCUC CA UUCUGUGAGCG miRNA 3' C U 5'	-25.0 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11288a	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC101295969), mRNA.	XM_004290789.2	target 5' C GAGGAGAAAGAGGU A AAA A 3' CCGCAG UU CGC AGAUCCCA GGUGUU AA GCG UUUAGGGU miRNA 3' U G 5'	-24.9 kcal/mol
fve-miR11293	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC101295969), mRNA.	XM_004290789.2	target 5' C GUUACGGUACA CAGAAGGAACUGGAA A 3' GUGGAGG UUUUUG GGGAAGAA CACCUCC AAGGAC UCCUUCUU miRNA 3' C 5'	-26.5 kcal/mol
fve-miR11302	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC101295969), mRNA.	XM_004290789.2	target 5' G UUG UG ACU GUA U 3' CAA G GUGAUG UGGU CCU GUU U CACUAC GCCA GGA miRNA 3' G UG C 5'	-20.9 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR530	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC101295969), mRNA.	XM_004290789.2	target 5' U AGAA A ACAU U 3' GGGGGU AG GUGCAAG UGCA UCUCCA UC CACGUUU ACGU miRNA 3' CG 5'	-26.0 kcal/mol
fve-miR408	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' C CGGCU GGC CG G 3' GCCA GGGA GGAGGCGG GCG CGGU CCCU UCUCCGUC CGU miRNA 3' U A 5'	-33.9 kcal/mol
fve-miR535a	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' A AUG CG UGGGGCAGCGCAACC U 3' CGUGUUC CUC CA UCGUCG GCACGAG GAG GU AGCAGU miRNA 3' C A A 5'	-24.0 kcal/mol
fve-miR482b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' G GCGGA C GG U C 3' GGAG GGCGG GGC UGG GGAGGA CCUU CCGUC CUG AUC CUUUCU miRNA 3' A 5'	-25.4 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11291	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' U AGUCAAAGGU AAUG U 3' UUGGAAGAGG UGAGGCC GCAA AACCUUCUCU GUUCUGG CGUU miRNA 3' U 5'	-27.4 kcal/mol
fve-miR11305	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' U UACU ACG U C 3' GGGGU UUGGG UUUGG CCAGAA CCUCG AGCCU AAGCC GGUUUU miRNA 3' U 5'	-26.0 kcal/mol
fve-miR482c	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' C C CGGAGGCGGCGGC U C 3' GG UGGGAGG GGUGG GGAGGA CC ACCCUCC UUAUC CUUUCU miRNA 3' C U 5'	-27.5 kcal/mol
fve-miR482d	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' U GCGG C CGGC U G 3' GGGAG AGG GG GGUGG GGAG CCCUU UCC CC UUAUC CCUU miRNA 3' C A A 5'	-24.8 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR477b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' G GCAAGAUCUUGG CUU GCUA A 3' GCGGAGA UGAAUG GGUG GCG CGCUUCU ACUUGC CCAC CGC miRNA 3' G 5'	-25.9 kcal/mol
fve-miR396b-5p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' G CCUGA UU G 3' GAGUUUAGG GAGGUU UGGAA UUCAAGUUC UUUCGA ACCUU miRNA 3' C 5'	-20.8 kcal/mol
fve-miR2111b-3p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca trans-cinnamate 4-monooxygenase (LOC101294342), mRNA.	XM_004294677.2	target 5' C CUUUAUUCCCGUGC GC UCC A 3' GGUGA UCCG CGU UCCGAGGGU CCAUU AGGC GUA GGGUUCCCG miRNA 3' 5'	-27.1 kcal/mol
fve-miR477a	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' C GG GUGAUGCUGGGA C 3' GGAAGCC UG GGGGAGAG UCUUCGG AC UCCCUCUC miRNA 3' C GA A 5'	-29.8 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR408	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' A GGUGGUGAUGCUGGG GCCUGACUGUAG GUG G 3' AGCC AGGGGAGA GGCAG GCG UCGG UCCCUUCU CCGUC CGU miRNA 3' A 5'	-31.1 kcal/mol
fve-miR535a	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' U C CA CGGGGCACGA G 3' GC UGC CUU UCUCGUCGUCG CG ACG GAG AGAGUAGCAGU miRNA 3' C A 5'	-25.4 kcal/mol
fve-miR482b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' C GCC U AU A 3' GGAA GGUGG G GCUGGGAGGGG CCUU CCGUC C UGAUCCUUUCU miRNA 3' A 5'	-28.2 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11295	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' G GCGUUUAAGUUG GG U 3' CUGAG GCCGGAAUUGA GUGA GACUU UGGCUUUAACU UACU miRNA 3' A C 5'	-24.6 kcal/mol
fve-miR11312	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' G CACCGUUGC GGUG C 3' GACUCU CCCUAAC AGCUUCA UUGAGA GGGGUUG UCGAGGU miRNA 3' A 5'	-28.6 kcal/mol
fve-miR156i	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' A AACA GCUGU CCGAGAUCA G 3' UGCU CUCUA UCUUU UGUCA ACGA GAGAU AGAAG ACAGU miRNA 3' C 5'	-20.2 kcal/mol
fve-miR166b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' U U UACU GUUG U 3' GG GAAUGG GCU GGUCUGG CC CUUACU CGG CCAGGCU miRNA 3' C U A 5'	-27.4 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR482c	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' A AAAUU A C 3' GGAUGG G GAAUGGGAAAG CCUACC C CUUAUCCUUUC miRNA 3' C CU U 5'	-27.9 kcal/mol
fve-miR160b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' G C U UUCGGAGGAGAAGC U 3' UGGCGUGCG G GGAGCU GGGC ACCGUAUGU C CCUCGG UCCG miRNA 3' U 5'	-32.5 kcal/mol
fve-miR482d	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' G U GGCCAGCAGUGAC GAU UUCA G 3' GGG GAA UGGGU GGA AUGGGGAA CCC CUU AUCCA CCU UAUCCCUU miRNA 3' 5'	-26.6 kcal/mol
fve-miR11285	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1(LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' U G G UGCAACCCAA A 3' GA GGU AUUUCUUUGAAU GGA UU UCA UAGAGAAACUUA UCU miRNA 3' G G 5'	-22.8 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11303	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' G UU C U 3' GC CUGUGGUG UGUUUGA UG GACGUCAC ACAAACU miRNA 3' A UC U 5'	-26.0 kcal/mol
fve-miR169d	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' G CGAUCUC GGGUGA C 3' GGGCA GUCGUC CUUGGUU UCCGU CAGUAG GAACCGA miRNA 3' U U 5'	-23.7 kcal/mol
fve-miR169e	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' G CGAUCUC GGGUGA C 3' GGGCA GUCGUC CUUGGUUC UCCGU CAGUAG GAACCGAG miRNA 3' U U 5'	-26.6 kcal/mol
fve-miR1511	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' G AGCUU GGAGAAGCGG G 3' CGCGUGG UCGGA GCUGGG GUGUACC AGUCU CGAUCC miRNA 3' AU A 5'	-26.3 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR156f	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca phenylalanine ammonia-lyase 1 (LOC101292546), mRNA.	XM_004307328.2	target 5' A AACA GCUGU CCGAGAUCA C 3' UGCU CUCUA UCUUU UGUCAG ACGA GAGAU AGAAG ACAGUU miRNA 3' C 5'	-20.5 kcal/mol
fve-miR11297	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tyrosine decarboxylase 1 (LOC101314251), mRNA.	XM_011459747.1	target 5' A A AUACAUUUCUCACA C G 3' GGG AGAU CGGUC UGUCUG UCC UCUA GCUAG ACAGAC miRNA 3' GC A 5'	-23.4 kcal/mol
fve-miR166b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tyrosine decarboxylase 1(LOC101314251), mRNA.	XM_011459747.1	target 5' G U U AA AUG G 3' GG GGA UGAAGCC UGG CUGA CC CCU ACUUCGG ACC GGCU miRNA 3' U A 5'	-29.3 kcal/mol
fve-miR169f	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tyrosine decarboxylase 1(LOC101314251), mRNA.	XM_011459747.1	target 5' G CAGAACUUGAAAU A UGAU G 3' CAGCGA G UCGUUCU UGGCUU GUCGUU C AGUAAGA ACCGAG miRNA 3' U 5'	-23.8 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR156h	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tyrosine decarboxylase 1 (LOC101314251), mRNA.	XM_011459747.1	target 5' C UUUAUGC A G 3' AGCUU CU UUCUUCUGUU UCGAG GA GAGAAGACAG miRNA 3' C U U 5'	-21.8 kcal/mol
fve-miR167d	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tyrosine decarboxylase 1 (LOC101314251), mRNA.	XM_011459747.1	target 5' A GCUCA CUUAACAUUGUG G 3' GAGAU GUGCUGGU GGUUUUA CUCUA UACGACCG UCGAAGU miRNA 3' A G 5'	-27.4 kcal/mol
fve-miR11283	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tyrosine decarboxylase 1 (LOC101314251), mRNA.	XM_011459747.1	target 5' U C CUCCUCAUGGCAAU G 3' UUCCG CUUCUGC GAGGCCU AAGGU GGAGAUG UUUCGGA miRNA 3' U A 5'	-26.6 kcal/mol
fve-miR11314	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tropinone reductase homolog (LOC101300932), mRNA.	XM_004302715.2	target 5' U AUUACAGU UUUCU A 3' UUCAUAG CAUCCACA GCUC AAGUAUC GUAGGUGU UGAG miRNA 3' U A 5'	-26.2 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR408	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tropinone reductase homolog (LOC101300932), mRNA.	XM_004302715.2	target 5' G CC CU GAC U 3' AGCUAG GGA AGGGGC AGUGCA UCGGUC CCU UCUCCG UCACGU miRNA 3' 5'	-32.9 kcal/mol
fve-miR535a	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tropinone reductase homolog (LOC101300932), mRNA.	XM_004302715.2	target 5' U GGCAGAAC AAUGAAA CUGG C 3' CGUGU CU UCUCAUCG UCA GCACG GA AGAGUAGC AGU miRNA 3' C A G 5'	-20.7 kcal/mol
fve-miR160b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tropinone reductase homolog (LOC101300932), mRNA.	XM_004302715.2	target 5' A UG AUAUGCCAUCGU AA AGCCGGACUAG A 3' GGCAU G GG GAGCU GGGCG CCGUA U CC CUCGG UCCGU miRNA 3' A UG 5'	-25.7 kcal/mol
fve-miR167d	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tropinone reductase homolog (LOC101300932), mRNA.	XM_004302715.2	target 5' A C AAAGA AA G A 3' G AGAUCG GC UGGCA GUUUCA C UCUAGU CG ACCGU CGAAGU miRNA 3' A A 5'	-25.1 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11283	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tropinone reductase homolog (LOC101300932), mRNA.	XM_004302715.2	target 5' C G AC CCU C 3' UU CAU CCUCU CAAGGCCU AA GUA GGAGA GUUUCGGA miRNA 3' U G U 5'	-25.2 kcal/mol
fve-miR11288d	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tropinone reductase homolog (LOC101300932), mRNA.	XM_004302715.2	target 5' A C GUAA GAACAGAUC G U 3' CCUGUG UC UCAA GACGA UGGG GGACAC AG AGUU UUGCU ACCU miRNA 3' 5'	-23.2 kcal/mol
fve-miR167a	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca tropinone reductase homolog (LOC101300932), mRNA.	XM_004302715.2	target 5' C AAAGA AA G A 3' AGAUCG GC UGGCA GUUUCA UCUAGU CG ACCGU CGAAGU miRNA 3' A 5'	-24.9 kcal/mol
fve-miR11305	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC101308514), mRNA.	XM_004307851.2	target 5' A GAAGCCCUGGCUAA U UU G 3' GGAGUUU GGGUUC GGA CCAAG CCUCGAG CCUAAG CCU GGUUU miRNA 3' U 5'	-26.0 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR168-5p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeic acid 3-O methyltransferase (LOC101308514), mRNA.	XM_004307851.2	target 5' C UUGCACCAGACACUA U C G G 3' UUCCUG GCC UG CACCAAG GA AAGGGC UGG AC GUGGUUC CU miRNA 3' G 5'	-28.7 kcal/mol
fve-miR171b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC101308514), mRNA.	XM_004307851.2	target 5' A AC C U U 3' GAG UGGU UUGGUUU GCUUG CUC ACUA AACCAAG CGAGC miRNA 3' U C 5'	-23.6 kcal/mol
fve-miR482c	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC101308514), mRNA.	XM_004307851.2	target 5' A C A C UUGAAGCCCUGGCUA UUCU U 3' GGA GG G AGGAGU AGGG GGA CCU CC C UCCUUA UCCU UCU miRNA 3' C A U 5'	-20.8 kcal/mol
fve-miR171f-3p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC101308514),	XM_004307851.2	target 5' U CAU ACAACCCC GG A 3' GUGAU GUUGGCGC GGC CAA CACUA UAACCGCG CCG GUU miRNA 3' U A 5'	-28.1 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR11288b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC101308514), mRNA.	XM_004307851.2	target 5' A CCUU AUG C G G 3' GCCAA UUCGCC CAA UC CCA UGGUU AAGCGG GUU AG GGU miRNA 3' UU 5'	-23.4 kcal/mol
fve-miR530	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC101308514), mRNA.	XM_004307851.2	target 5' U GGACAUGUU A CCAAAGGGA A 3' GGAGG UGUA GUGUA GAUGCA UCUCC ACGU CACGU UUACGU miRNA 3' C 5'	-23.6 kcal/mol
fve-miR2109	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeoyl-CoA O-methyltransferase (LOC101295967), mRNA.	XM_004290547.2	target 5' C U U CGCCACC CCUCUC A 3' UC G GGUGG GGAUGCU CGCA AG C CCACU UCUGUGA GCGU miRNA 3' A U U 5'	-23.3 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR169f	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vescacaffeoyl-CoA O-methyltransferase (LOC101295967), mRNA.	XM_004290547.2	target 5' U UGAUGA A AACAU C 3' CAGC AGGUC AUUCUUG GCUU GUCG UUCAG UAAGAAC CGAG miRNA 3' U 5'	-21.5 kcal/mol
fve-miR160b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vescacaffeoyl-CoAO-methyltransferase(LOC101295967), mRNA.	XM_004290547.2	target 5' A C CUUUGUGCUCGA CAACA U 3' GGUA UACAGGGA GCU AGGC CCGU AUGUCCCU CGG UCCG miRNA 3' A U 5'	-29.1 kcal/mol
fve-miR393b	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeoyl-CoA O-methyltransferase (LOC101295967), mRNA.	XM_004290547.2	target 5' G CUACACU CUAC C C 3' AGAUCGGUGU GG UCCCU UUGG UCUAGUUACG CU AGGGA AACC miRNA 3' U 5'	-24.6 kcal/mol
fve-miR11296	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. Vescacaffeoyl-CoAO-methyltransferase (LOC101295967)	XM_004290547.2	target 5' A CUG A 3' AUUGGGU CCAGUCAUCGAGAA UGACCUA GGUCGGUAGUUUUU miRNA 3' A 5'	-32.1 kcal/mol

Tablo 4.7 Dağ çileği miRNA'larının hedef genleri (devamı)

fve-miR171c-5p	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeoyl-CoA O-methyltransferase (LOC101295967), mRNA.	XM_004290547.2	target 5' U UUAAUUU G 3' AUUGAAUUGUGCUGAU UCU UAACUUGGCGUGGUUA AGA miRNA 3' C U 5'	-21.0 kcal/mol
fve-miR167d	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeoyl-CoA O-methyltransferase (LOC101295967), mRNA.	XM_004290547.2	target 5' U UUG UUCCAGU GAU A C 3' UGAGAU CAUGC UGGU GGC UCA ACUCUA GUACG ACCG UCG AGU miRNA 3' A 5'	-25.3 kcal/mol
fve-miR5225	PREDICTED: Fragaria vesca subsp. vesca caffeoyl-CoA O-methyltransferase (LOC101295967), mRNA.	XM_004290547.2	target 5' U CCGGAUGCUC GCAAG U G 3' GGCGCCA CUCUCC UACG CAG CCGCGGU GAGAGG AUGC GUC miRNA 3' A U 5'	-31.9 kcal/mol

,

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri

miRNA	İşlevi	Aksesyon numarası	RNA hybrid sonucu	MFE
gma-miR9732	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A GGCAAGG UGA UGACU C 3' GGA GCACA UCAU UCCUUG UCU CGUGU AGUA GGGAAC miRNA 3' AA U 5'	-21.7 kcal/mol
gma-miR9732	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A A G U C U 3' GGA UGCA GUC UA CCCUUG UCU ACGU UAG AU GGGAAC miRNA 3' A G U 5'	-25.8 kcal/mol
gma-miR5672	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' C C CC C A 3' UCCAU UC UCCACU ACCAU AGGUA AG AGGUGA UGGUA miRNA 3' A A C 5'	-26.5 kcal/mol
gma-miR9739	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5	XM_014763844.3	target 5' U UGCU AGG U 3' UGCGUGUC UGGA AUUUGAA AUGCAUAG ACCU UAAGUUU miRNA 3' C G 5'	-21.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR862b	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript	XM_041013808.1	target 5' C UUUU GU U A 3' CCUUCGA AGACA UC CAG GGAAGUU UCUGU AG GUC miRNA 3' A G 5'	-22.6 kcal/mol
gma-miR862b	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5	XM_014763844.3	target 5' C CGAU CUCUA A 3' UCCUUCAGAG GCA UCAGU AGGAAGUUUC UGU GGUCG miRNA 3' A 5'	-22.6 kcal/mol
gma-miR5371-5p	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' G GA GACAAGGUAGUACCU U 3' GAU GA GUGGCUAAUUUUUG CUA CU CACUGAUUAAGGAU miRNA 3' GA 5'	-20.1 kcal/mol
gma-miR10430	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5	XM_014763844.3	target 5' A GA GCUUGU GGG U 3' GGGU UUGA GAAGGUU GGACUGG UCCG AAUU UUUCCAG UCUGGCU miRNA 3' AA 5'	-25.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10430	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A G CCCUCU G UU A 3' AGGCU UUGGA GGU AGA CUGA UCCGA AAUUU CCA UCU GGCU miRNA 3' A UU G 5'	-24.0 kcal/mol
gma-miR171i-3p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U AGGA A A 3' CGUGG GUUGGCAC GCUUGG GCACU UAACCGUG CGAGUU miRNA 3' A C 5'	-27.8 kcal/mol
gma-miR408d	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U UAU AUU CAUUCGUUCUGUAC U 3' GUC GGGAG GAG GUAGUGCA CGG CCCUU CUC CGUCACGU miRNA 3' U 5'	-24.7 kcal/mol
gma-miR9760	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G G CGCC G G 3' AAUC GAGGCUGC GUCGUC A UUAG UUUUGAUG UAGUAG U miRNA 3' G G 5'	-20.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4358	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A A ACCUUG CAGAAGAUU C 3' CUGGC GAUA AG UCGUGCACU GACCG CUAU UC AGUACGUGA miRNA 3' A C 5'	-25.6 kcal/mol
gma-miR4398	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G U GAGA UGCAGUGACGU GGCCCAAC C 3' UUUGU CU UCAC UCCGU UGACA AAGCA GA AGUG AGGCG ACUGU miRNA 3' A AG 5'	-22.6 kcal/mol
gma-miR4353	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase	XM_003526568.5	target 5' A C UG AAUUUUUGUCUCACC G A 3' GGUAGUA C UGGCU ACGA UUUG UCAUUAU G GCCGA UGCU GAAC miRNA 3' U UG 5'	-25.8 kcal/mol
gma-miR4996	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U A A G C 3' GAG AAUAUGGG AGUU UCUG CUC UUGUACCC UCGA AGAU miRNA 3' C 5'	-23.4 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4996	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' C CCACCUUC CAUUAACUAUC G 3' AGGAUAUGG GGA GCUUCUG UCUUGUACC CCU CGAAGAU miRNA 3' C 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR4379	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A GA G U G 3' AGGCCUU UUG GGUGUGC CUUUG UCCGGAG AGU UCAUAUG GAGAU miRNA 3' G U 5'	-30.0 kcal/mol
gma-miR10441	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G CCCA GAGACCCUUCUUGA A 3' UGAUUUUAUU UCUU AGGGUU GCUAAAGUAA AGAG UCCCAA miRNA 3' U CA C 5'	-21.1 kcal/mol
gma-miR4366	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C UC UCCUC C U 3' CC AUAGGUCUCU GCUG GGUGG GG UGUUUAGAGA UGAU UCAUC miRNA 3' U 5'	-21.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5679	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U UGGUAGGGU AA UGUCU C 3' UCAACU UC UUGGG UCACCAG AGUUGA AG GACCC AGUGGUU miRNA 3' AA 5'	-24.0 kcal/mol
gma-miR159d	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U A A A AAAAGA G 3' GG GGU CCA AGUUGGG GGCU CC CUA GGU UCGAUUC UCGA miRNA 3' A G 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR9748	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U AUG CC U 3' GUCGUCC CUGCGCUUCC UUC CAGUAGG GAUGUGAAGG AAG miRNA 3' GA 5'	-33.1 kcal/mol
gma-miR4401a	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C UCUGAAUCAGUGAA AACGAAG C C 3' GAUGUCU ACU CAAAGAUGU GU UUACGGA UGA GUUUCUGCA CA miRNA 3' AA A 5'	-21.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10438	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' U UUCUU AUCACUUUGGGACG A 3' UGCCAA GGC UUUGGUCCAA ACGGUU UUG GAAUCAGGUU miRNA 3' C UU 5'	-23.4 kcal/mol
gma-miR10438	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A UCAG AGCA U 3' UGCCA AGGAAUUUUGG CCAA ACGGU UUUUUGGAAUC GGUU miRNA 3' C A 5'	-22.1 kcal/mol
gma-miR160a-5p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A C AUCGGCAAC U 3' UGGCG UGCA GGAGCUGGGCG ACCGU AUGU CCUCGGUCCGU miRNA 3' C 5'	-31.9 kcal/mol
gma-miR160a-5p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U CA UU CU U C 3' UGGCA GC GGAGCCA G GCA ACCGU UG CCUCGGU C CGU miRNA 3' A UC 5'	-28.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5043	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	arget 5' C A U G C A C 3' GG GGU C AGAG GAGG GGAU CC CCA G UCUC UUCC CCUG miRNA 3' A C U 5'	-23.4 kcal/mol
gma-miR10422	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U AA GAAACUUCC G 3' GGUGUUGCU UCUAA UCAGAA CCACAACGA AGAUU AGUCUU miRNA 3' G 5'	-27.7 kcal/mol
gma-miR10422	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U GAUUAACAGUGAA G UAUAA A 3' GGUG UG UCUCUA AUUAGAG CCAC AC AGAGAU UAGUCUU miRNA 3' A G 5'	-20.8 kcal/mol
gma-miR166m	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' A C CUCGUCACCGG A A 3' GGGAAUGA AGCU UGG UCC CCCUUACU UCGG ACC AGG miRNA 3' C C 5'	-27.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR172b-5p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' U GG GGGAC CG G 3' GUGAA UUGG UGGU GCUAC CACUU AACU ACUA CGAUG miRNA 3' AG 5'	-20.0 kcal/mol
gma-miR319i	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U AUUGAUGG A GAGA G C 3' GAAGGGGCU CC CCUUC AGUU GA CUUCCUCGA GG GGAAG UCAG UU miRNA 3' G 5'	-28.8 kcal/mol
gma-miR3522	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G UG UG A A 3' CAGCUGC UCAU UUGG UC GUCGACG AGUA AACC AG miRNA 3' A A 5'	-25.5 kcal/mol
gma-miR4383	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A GAAUAUUA G UG U A 3' ACCGG U AACUGGGGU CC GUG UGGCC A UUGACUCUA GG UAU miRNA 3' C A G U 5'	-24.3 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR9752	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A UUUAU A UGAAAGGAG A 3' AAGC GGGAA GAGAAGA AGCA UUUG CCCUU UUCUUCU UCGU miRNA 3' U 5'	-24.0 kcal/mol
gma-miR4414a-3p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U G U U 3' GCAGCU CUG CAUUGUUGGA CGUCGA GGC GUAGCAACCU miRNA 3' G 5'	-34.6 kcal/mol
gma-miR4414b	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A UG UCAA UCCUU A 3' GA U AACGGGUUGGU GCU CU G UUGCUCAGUCG CGA miRNA 3' G UG U 5'	-23.8 kcal/mol
gma-miR4414b	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G CCUCG G AGC U A 3' GAGCCA ACGA GUCA GCA GCU CUUGGU UGCU CAGU CGU CGA miRNA 3' G 5'	-27.4 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10418	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript	XM_041013808.1	target 5' U A GGACAAUA A A 3' GGGGG UC AGGA UUGCUUC CCCUC AG UCCU AAUGAAG miRNA 3' U A GA 5'	-24.3 kcal/mol
gma-miR10418	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U U U CCCUUGAUGGCC A 3' GGGG UUCC UGGGA UUGCUUC CCCU AAGG AUCCU AAUGAAG miRNA 3' U C 5'	-27.7 kcal/mol
gma-miR10418	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' G UUU AUUUUUGUG AUCUUGCUGUGGU A 3' AGG GAG CCUAGGA UUGCUUC UCC CUC GGAUCCU AAUGAAG miRNA 3' AA 5'	-24.3 kcal/mol
gma-miR5044	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C AAAGAC A CUCU UC G 3' UGGA CCUC UAGGU UCC GCUGC ACCU GGAG AUCCG AGG UGAUG miRNA 3' U 5'	-28.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5044	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U UUC UAA AA C 3' UGG ACCUUU AGGUA CUACUAC ACC UGGAGA UCCGU GGUGAUG miRNA 3' A 5'	-26.1 kcal/mol
gma-miR171c-5p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U ACUGAGGCU U C U 3' GGUUGG GCCGU GCCA UAUCU CUAACU UGGCG UGGU AUAGA miRNA 3' U 5'	-22.4 kcal/mol
gma-miR171c-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' C UGCU GUG A 3' GGUUG CCGCA UCAGUGUCU CUAAC GGCGU GGUUAUAGA miRNA 3' UU 5'	-26.2 kcal/mol
gma-miR9740	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' C C G U A A G 3' UUUCCCUC A UGG AGC C GCA AAAGGGAG U ACC UUG G UGU miRNA 3' G A 5'	-25.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4377	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C A CCGCCGCC UC C 3' CGUC UCCG UUCAGC AUGAUGUA GCAG AGGU AAGUCG UACUGCAU miRNA 3' A C 5'	-28.9 kcal/mol
gma-miR4377	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U CC CA UUAC C 3' CGUC UCCGU AGCG AUGAUGUA GCAG AGGUA UCGC UACUGCAU miRNA 3' A AG 5'	-27.8 kcal/mol
gma-miR4377	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase	XM_003554738.5	target 5' C GUGGU GGCGCUGCAA AACG GCUG U 3' CGUU UUCCAU UCGGC GA GGCGUA GCAG AAGGUA AGUCG CU CUGCAU miRNA 3' A 5'	-24.5 kcal/mol
gma-miR4410	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U CCAU UUUUUGCACCACCA U C 3' UAC CUCAU GCGG GUCGACAUG AUG GAGUA UGCC UAGUUGUAU miRNA 3' C CU 5'	-24.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR169i-3p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' U AC U CUGUGAUUCAAAAG A 3' UAUGA UGGGGU GC GCCGG AUACU GCCCUA CG UGGCC miRNA 3' CU C 5'	-25.6 kcal/mol
gma-miR169i-3p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' A CUAUC UG A GU AGCUU A 3' UAUG G G GGA UGGCAC GG AUAC C C CCU ACCGUG CC miRNA 3' U UG G 5'	-24.3 kcal/mol
gma-miR159c	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C ACUUC G A 3' CGGA GUUCCCUUC AUUUUAG GCCU CGAGGGAAG UGAGGUU miRNA 3' A 5'	-26.7 kcal/mol
gma-miR4365	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C UUCUUCCCCUGAG CA C 3' GUGGU CUCGC AAGAGGUUCU CGCUA GAGCG UUCUUCAAGA miRNA 3' A CC A 5'	-28.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4365	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' G AG C C 3' GUGAU UUGUGGAGG AGUUCUU CGCUA AGCGCCUUC UCAAGAA miRNA 3' A G U 5'	-31.4 kcal/mol
gma-miR5369	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A U AGUGCA G U 3' G ACAU CUCCU UUUCUC C UGUA GAGGA AAAGAG miRNA 3' A G U 5'	-20.6 kcal/mol
gma-miR5786	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AUGCA AGUUCA C 3' AGUGC UUUGUCCUG GACA UCACG AGAUAGGAC CUGU miRNA 3' GG G 5'	-28.4 kcal/mol
gma-miR1507c-5p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C GU AA UC U 3' UUCUCU U CCCA AAUGCCUC AAGAGA A GGGU UUGUGGAG miRNA 3' GU 5'	-26.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1507c-5p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' G G G GGCCCCA U U 3' UCU U GU CCCGA GCGCCUC AGA A UA GGGUU UGUGGAG miRNA 3' A G G 5'	-24.6 kcal/mol
gma-miR9750-5p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' G U GU CC CCCG C 3' GGUC GUG GG CCA AUGCGCCU CCAG CAU UC GGU UGCGCGGA miRNA 3' A A 5'	-27.2 kcal/mol
gma-miR5042-3p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C GGAA UGUGGU C 3' CCUAU UGGGUC GGCCCCA GGAUA ACCUAG UCGGGGU miRNA 3' GA U 5'	-29.8 kcal/mol
gma-miR5042-3p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' G UGGCUGAA CAGCUUCUGUGAUU U 3' CUGUCUU GGAUC GAGUCCC GAUAGAA CCUAG UUCGGGG miRNA 3' G U 5'	-25.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR9758	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' U CA UUAC A 3' CUGAGCUUGU AUGAUUA AACA GAUUUGAACG UACUGAU UUGU miRNA 3' 5'	-23.7 kcal/mol
gma-miR5378	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A AUUC GGA A 3' UGUGUGUU AUCUU UCAGAUG AUACACAA UAGGA AGUCUAC miRNA 3' GA 5'	-25.6 kcal/mol
gma-miR4416a	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A A U GUUGAAGA C 3' UCUAGG UGG GAGU GAUCCGU GGAUCC ACU CUCG CUGGGCA miRNA 3' 5'	-26.5 kcal/mol
gma-miR4416a	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' C GGG CAA A 3' CC AGG AGAGCGAUCUG GG UCC UCUCGCUGGGC miRNA 3' A AC A 5'	-28.2 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4396	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C AGU UUGAAG G AGUAA A 3' GU GCAU UGUCU UAGGA GCUGCA CA CGUA GCAGA AUCUU UGAUGU miRNA 3' GU 5'	-22.1 kcal/mol
gma-miR4351	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' U UUCA UG G A 3' UCGAU UCUA UGGAU CUGAU GGUUG AGGU ACUUA GGUUA miRNA 3' UG G 5'	-22.1 kcal/mol
gma-miR4351	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' A GAC A A U G 3' CAA CUC UAGCU GAGUC CCAAU GUU GAG GUUGA CUUAG GGUUA miRNA 3' G 5'	-23.3 kcal/mol
gma-miR5762	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A G GCUAUCUUUGUGCCA G 3' C GGUUGGUUCCUU CUGUGG G UCAACUAAGGAG GAUACU miRNA 3' C G 5'	-25.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10435	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' G GACAGUGGGGUUUG UG CAAAAACC C 3' UUUAGCC CG GUUGAGG GGAA AGAUUGG GC CAACUUU CCUU miRNA 3' A UG A 5'	-23.2 kcal/mol
gma-miR530a	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' G GUU AACA A 3' AAGGUG CAGG UGCAGAUGCA UUUCAC GUCC ACGUUUACGU miRNA 3' 5'	-28.0 kcal/mol
gma-miR530a	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G GA AGU U 3' GAAGUG AGGUGCAAG UGCA UUUCAC UCCACGUUU ACGU miRNA 3' G 5'	-29.1 kcal/mol
gma-miR10190	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A AAGA GUGGAGGUACCAAA A 3' GGC CAUGGUGGUU GUUGGGA UCG GUAUUAUCAG UAGUCCU miRNA 3' A 5'	-21.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10190	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' C CA GAAU CCACAAAAAUA C 3' AGCUCA UAAUAG UCA UUAGGG UCGAGU AUUAUC AGU AGUCCU miRNA 3' 5'	-21.9 kcal/mol
gma-miR5041-3p	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' C UUG UGGUAAACUCAUGU U 3' UC CUUCAAU UUGCUCAAU AG GAAGUUG AACGAGUUG miRNA 3' A UA 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR166j-5p	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U CGU UCUCAU G G U 3' CCUCGG GCCA AC GACAU UCC GGAGCU CGGU UG UUGUA AGG miRNA 3' U 5'	24.2 kcal/mol
gma-miR5676	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A G G U G U 3' UGCUU UG AUGU GGUG UGG ACGGA AU UAUA CCAC GCU miRNA 3' G G G A 5'	-22.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR167i	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U AA CUU UU UUGUU A 3' ACCAGUUGA AGC UGU CAGC UGG UGGUCAACU UCG ACG GUCG ACU miRNA 3' U 5'	-28.3 kcal/mol
gma-miR9749	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U U A CAAGGUAGUACCUGU U 3' GGG AGGG UGAGAGA GGCUAA CCC UUCC ACUUUCU UCGAUU miRNA 3' U 5'	-26.0 kcal/mol
gma-miR9728	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U UAGACA C AAAC G 3' UCGAUUU GUU UCAG UCUGCG AGUUGAA CAA AGUC AGACGC miRNA 3' A 5'	-20.9 kcal/mol
gma-miR166k	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A U U GGU A C 3' GG AGUGA GCU UGG CUGAGG CC UUACU CGG ACC GGCUCU miRNA 3' U A 5'	-24.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR166k	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A GG UUG GUGAA G A 3' G UGA AGCUU GGUU GGGG C ACU UCGGA CCAG CUCU miRNA 3' C UU G 5'	-23.7 kcal/mol
gma-miR166k	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G C CUCGUCACCGG A AAA A 3' GGAAUGA AGCU UGG UCC GGA CCUUACU UCGG ACC AGG UCU miRNA 3' C 5'	-23.7 kcal/mol
gma-miR171h	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' U U GC U 3' GUUGGUUC GGCUUG CUCAAU UAACUAAG CCGAGC GAGUUA miRNA 3' A 5'	-28.0 kcal/mol
gma-miR10201	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G UGCAAACA UUAUAUCCUCC U 3' AGGC UCAUUU AUUGCUGGUG UCCG GGUAAA UGAUGGCCAU miRNA 3' UA 5'	-22.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4403	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U AC A CA AA A 3' UCUGU GU GUG UUUG GUGUCUGU AGGCA CA CAC AAGC CACAGGCA miRNA 3' C G 5'	-24.7 kcal/mol
gma-miR10191	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G AAU CU C G 3' GG CGGAGG GCCGC GUCGUC CC GCCUCC CGGCG CAGCGG miRNA 3' G U U 5'	-38.3 kcal/mol
gma-miR10191	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U U CU A C A 3' GGU GGA G GGCUGC GUUGCC CCG CCU C UCGGCG CAGCGG miRNA 3' G C U 5'	-32.1 kcal/mol
gma-miR10191	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' G CCAUUUAUUCCACA UAUG ACCUU ACAUUAACUA U 3' GGUGGA GGA GCC CGG UCGCU CCGCCU CCU CGG GUC AGCGG miRNA 3' G C 5'	-23.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5034	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A GCAACUAAGGCA AAG U CA C 3' GAGGCU AUC GAA GGGGU ACC CUCUGA UAG CUU UCCCA UGG miRNA 3' A A 5'	-24.2 kcal/mol
gma-miR862a	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' G GCAGAGUUUGUUAGG GAGCAA G U 3' AUUCCU UCAGAGACA CCA GCA UAAGGA AGUUUCUGU GGU CGU miRNA 3' A 5'	-26.6 kcal/mol
gma-miR9762	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' U UU GUGGUUUCUUU C 3' UCUGUUUUC GAAGA UCUGUA GGACAAAGG UUUCU AGACAU miRNA 3' C 5'	-22.7 kcal/mol
gma-miR169s-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A AUUUUAGACCA AGG AAG A G 3' CCGGCA AGUCG CU UU GGCUU GGCCGU UCAGU GG AA CCGAA miRNA 3' A 5'	-24.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR9730	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U UCC GUUUCCAUGGC U G 3' GCAGC GUUGUG GC GCAAUCG CGUCG CAAUAC UG CGUUAGC miRNA 3' U U 5'	-28.4 kcal/mol
gma-miR5038b	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A G C GC A 3' GGA A GAGGUUGAA UUUUCA CCU U CUCCGGUUU AAGAGU miRNA 3' A G 5'	- 24.3 kcal/mol
gma-miR5038b	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A U GCU G A 3' UGGAC G AGGUCAGGUUCU A ACCUG C UCCGGUUUAAGA U miRNA 3' U G 5'	-28.0 kcal/mol
gma-miR4387d	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U G AUUUGGCAAC AG AU C 3' UCAU G UGC CUGG UUAGUGGCAU AGUA U ACG GAUU AGUCACUGUA miRNA 3' U G 5'	-21.4 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4349-3p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A G U UUACUGAAGAUCUU GA U 3' GG CAA AAGGAGU AUG AAGUGA CC GUU UUUCUCA UAU UUCACU miRNA 3' G C A 5'	-20.8 kcal/mol
gma-miR1520f-5p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A UUAU A AUCCA U 3' GAUC GGAA GUGAUAU UGACAAU UUAG UCUU UACUGUG ACUGUUA miRNA 3' G C 5'	-21.2 kcal/mol
gma-miR1520f-5p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' G G AGAAAGCUUCU CUAUGCUGCUUU C 3' AAUUAGAA AUGA CGCGUG GCAG UUAGUCUU UACU GUGCAC UGUU miRNA 3' G A 5'	-22.6 kcal/mol
gma-miR4402	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U GGCCCAA C CUU GCCU G 3' UCCGU CUGA ACCCAU GAUA UGU AGGCA GACU UGGGUA UUAU ACA miRNA 3' C C 5'	-25.2 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10405a	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A ACCCCUUGUACAAG G G 3' GGUCUU UUUGUGAGAGA GA CCAGGA AAAUAUUCUUU UU miRNA 3' A G 5'	-20.0 kcal/mol
gma-miR1516a-5p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U UAU U C G 3' UCUCAA AAGAGUUUAUGG CU UG AGAGUU UUCUCGAAUAUU GA AC miRNA 3' G 5'	-24.4 kcal/mol
gma-miR5669	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G AAUUUA A CAA C 3' GGC GCUUGC CAUACU GCAUU CUG UGAAUG GUGUGA UGUAA miRNA 3' G C 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR9761	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' U UG C CCUUCUGGAAA C U 3' ACAA GAU UCCU AGACC UCA UGUU UUA AGGA UCUGG AGU miRNA 3' U A 5'	-20.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5677	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A GGGGUUUGCG CAAAA A 3' CAGU UGGUUGAGG ACCGGA GUCG ACUAAUUUC UGGUUU miRNA 3' A A 5'	-20.2 kcal/mol
gma-miR5677	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' C G U U G 3' CAGCUU GAUUA GGA UCAAG GUCGAA CUAAU UCU GGUUU miRNA 3' A U 5'	-22.3 kcal/mol
gma-miR530b	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' G GUU AACA A 3' AAGGUG CAGG UGCAGAUGCA UUUCAC GUCC ACGUUUACGU miRNA 3' A 5'	-28.7 kcal/mol
gma-miR530b	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G GA AGU U 3' GAAGUG AGGUGCAAG UGCA UUUCAC UCCACGUUU ACGU miRNA 3' A G 5'	-29.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1523b	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A AUAC UGAUU A 3' GUGG UUCA GGAGUGAUGA CACU GAGU CCUCGCUACU miRNA 3' A C 5'	-25.2 kcal/mol
gma-miR5779	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' G U UUG GAGUUCAGAC GAUUGA G A 3' UGCA GCAU UCCU ACUU UGGA UUG ACGU UGUA AGGA UGAA ACCU AAC miRNA 3' G 5'	-23.1 kcal/mol
gma-miR4995	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A CU G A 3' CUUUG GCCA AGUCACUGUU GGAAU UGGU UCGGUGACGG miRNA 3' G A 5'	-27.2 kcal/mol
gma-miR4995	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G U A G 3' CCCUU GCCAAGCCAUUG CUU GGGAA UGGUUCGGUGAC GGA miRNA 3' U 5'	-34.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4378a	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A G UU A 3' UGCAC GUUUUGAGAUGGU UCUA AUGUG UAAGAUUCUGUCA GGAU miRNA 3' G A 5'	-28.7 kcal/mol
gma-miR4994-5p	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C UU CCCC C A 3' GUGG UCUU UGAGCU GCC CACU AGGA ACUCGA UGG miRNA 3' CU U 5'	-24.1 kcal/mol
gma-miR4994-5p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A UU ACCCUUGA U 3' UGGGG UCCUUGGG UGGCC ACUCU AGGAACUC AUUGG miRNA 3' C G 5'	-25.1 kcal/mol
gma-miR4994-5p	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' C U CA U 3' UGAG UCUUUGAGUUG ACC ACUC AGGAACUCGAU UGG miRNA 3' C U 5'	-26.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR399o	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' G UC AAUUUU A A 3' CAUGCCA AGAGG GGAGC CC GUACGGU UCUCU CCUCG GG miRNA 3' CC 5'	-31.5 kcal/mol
gma-miR399o	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' U UAC A CAUGAGAGCUUGA A 3' GUG CCA GAGAG AGGAGCU UAC GGU CUCUC UCCUCGG miRNA 3' G C G 5'	-25.8 kcal/mol
gma-miR399o	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' G AU UU G 3' CAUGUCA AGGG GGGGCUU GUACGGU UCUC CCUCGGG miRNA 3' CC U 5'	-27.4
gma-miR399o	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G A UACC G G 3' CAUGCUAG GGAG GGA GCCC GUACGGUC UCUC CCU CGGG miRNA 3' C U 5'	-33.3 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR9755	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G GAUUGAC G G 3' GGAUGA AGAGUUCUUGGA CA UCUACU UUUCAAGGACCU GU miRNA 3' A 5'	-27.7 kcal/mol
gma-miR9755	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A AUUC A CGU U 3' AGAUGA AAA UUCCU GGAUC UCUACU UUU AAGGA CCUAG miRNA 3' C U 5'	-22.8 kcal/mol
gma-miR10424c	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U U G 3' GGUCUCUA AUAAAUUAGAGAA UCAGGGAU UAUUUAAUCUUUU miRNA 3' 5'	-26.6 kcal/mol
gma-miR1513b	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U AGUAGAACC A UAGAGAA U 3' UGAGUCA UGGUU UCU CUCA AUUCAGU ACCGA AGA GAGU miRNA 3' C A 5'	-20.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4409	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' C A UUGUUUCA U 3' CAGUUGA AAGCCU GCUUGUU GUCAGUU UUUGGG UGAACAA miRNA 3' G U 5'	-23.0 kcal/mol
gma-miR10199	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U U A CUGUUGAG GUUG C 3' GGCCC GG CUCA ACG UGCU CCGGG UC GAGU UGU ACGA miRNA 3' U U A 5'	-26.4 kcal/mol
gma-miR10199	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A G AGU CA G A U 3' AGGCC G GGCUCA A AUUG CU UCCGG U UCGAGU U UAAC GA miRNA 3' G G 5'	-25.8 kcal/mol
gma-miR482a-3p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A CAAGACAU UU GGUACCAAA AA G 3' AGG GGUGG GUGGA GUUGGGA AGA UCC UUACC CGCCU UAACCCU UCU miRNA 3' A 5'	-26.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR9737	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U UCCGUU CAUGGC U 3' GCAGC GUGGUUUC GCUGCAA CGUUG CACUAAAG CGGUGUU miRNA 3' U U 5'	-25.3 kcal/mol
gma-miR9737	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A UU GGCCA C 3' CAAC GUGA UUUUGGUCACA GUUG CACU AAAGUCGGUGU miRNA 3' C U U 5'	-23.6 kcal/mol
gma-miR4393a	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U AGGUCAGG AA C CAAAGGC U 3' GGCU UUCUG G UCC UUUUCUC CCGA AAGAC C AGG AAAAGAG miRNA 3' A GG U 5'	23.7 kcal/mol
gma-miR171b-3p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A UGAGCUUGUGAAG GGGACUGG A A 3' GGGUGAU GUUGG UCGGCU CG CUCACUA UAACU AGCCGA GC miRNA 3' A 5'	-24.3 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR169t	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G A GAGGAUC CCAGA A 3' AG GCGAG CCAUCUU GGCUA UC CGUUC GGUAGGA CCGAU miRNA 3' A A A 5'	-26.5 kcal/mol
gma-miR5785	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G U AGAU U U U 3' CC UGUUUGG GG GCAGC GCUG GG ACAAGCU CC UGUUG UGAU miRNA 3' A C GU 5'	-23.9 kcal/mol
gma-miR169n-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A U AG GCCACUGUCA A 3' CG GCAGA GCCCU UGGCU GC CGUUU UGGGA ACCGA miRNA 3' G AG C 5'	-29.0 kcal/mol
gma-miR169n-5p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A A A AAC A 3' CGG AAA CACCCUUGG CUG GCC UUU GUGGGAACC GAC miRNA 3' G G A 5'	-28.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR166u	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U U GGU A C 3' AGUGA GCU UGG CUGAGG UUACU CGG ACC GGCUCU miRNA 3' C U A 5'	-23.1 kcal/mol
gma-miR166u	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A GG UUG GUGAA G A 3' G UGA AGCUU GGUU GGGG C ACU UCGGA CCAG CUCU miRNA 3' UU G 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR166u	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' A GG UCACCCAAAGC UAA A C 3' AGUG GCC UGGU CC AGA UUAC CGG ACCA GG UCU miRNA 3' C UU C 5'	-22.3 kcal/mol
gma-miR5380a	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G A G AA GUAA A A 3' UCC C AUCC UCAUCAU UCA UUUU AGG G UAGG AGUAGUA AGU AAAG miRNA 3' G A 5'	-24.6 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5033	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A C C G 3' GUGGUUUCUUUU UGUACA GU CAUCAAAGGAAA ACAUGU CG miRNA 3' G 5'	-25.3 kcal/mol
gma-miR396g	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A UU GUCUG G 3' GUGCAU GAAGU UAGGAA UACGUA CUUCA GUUCUU miRNA 3' C UU A 5'	-23.2 kcal/mol
gma-miR1520a	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A C GACUGGCUAG G A 3' G ACUGUCAUG GUCA GUUCUG C UGACAGUAC UAGU CAAGAU miRNA 3' A A A 5'	-27.2 kcal/mol
gma-miR1520a	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' C AA C GC UUAU A 3' UGA UUG CAUG AUC UGUUCUG ACU GAC GUAC UAG ACAAGAU miRNA 3' A A U 5'	-20.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4416c-3p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A A U GUUGAAGA C 3' UCUAGG UGG GAGU GAUCCGU AGGUCC ACU CUCG CUGGGCA miRNA 3' G 5'	-27.9 kcal/mol
gma-miR10407c	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A C AG A 3' GUGAUGAAUA UGUCUGA UUGUUGA CGCUAUUUAU AUAGGCU GACAAUU miRNA 3' 5'	-27.3 kcal/mol
gma-miR397b-3p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' C U CUCC U 3' GGUUG G GCAGUGUCAGUG CUAAC C CGUCGCAGUUAU miRNA 3' A U A 5'	-27.7 kcal/mol
gma-miR4352a	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U A GCAUUUGAA GUA A 3' CUGU CGUAGU GUGUCU GGAAGU GGCA GCAUCA UACAGG UCUUUA miRNA 3' U A 5'	-26.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR2111d	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A U G AUUGC A 3' GU GUCUGCGUCU A AGGGC CA UAGACGUAGG U UCCUG miRNA 3' G U G 5'	-28.6 kcal/mol
gma-miR2111d	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' U A CAGCU UUGGUGAU U 3' CG GAUUUGC UCCCG GGGAU GC UUAGACG AGGGU UCCUG miRNA 3' A U 5'	-23.0 kcal/mol
gma-miR10413a	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' U A AAA GA U G 3' GGGU UUGU UCUCU ACU GAA CCCA AGCA AGAGA UGG UUU miRNA 3' U A U 5'	-21.8 kcal/mol
gma-miR167k	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C UU GAAUGCA GGC A 3' AAGAUC GGU UGGUGGCU CA UUCUAG CCG ACCGUCGA GU miRNA 3' A U A 5'	-26.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR167k	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5	XM_014763844.3	target 5' G GG A U A A 3' AAGGUU GGG CUGG CGGCU CG UUCUAG UCC GACC GUCGA GU miRNA 3' A A 5'	-27.7 kcal/mol
gma-miR5037d	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U CA AUGCCUCUCU U 3' GUUAACC UCA UGGGUUCUC CAAUUGG AGU AUCCGAGGG miRNA 3' A C 5'	-24.4 kcal/mol
gma-miR5375	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AG CUCUUUUCAG G 3' GCUCC CAA GCUUUU GUAGU CGAGG GUU UGAAGA UAUCA miRNA 3' U CA 5'	-22.1 kcal/mol
gma-miR5781	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A U AAA C U C 3' CCAG UG AG CUU GUUUCAG GGUC AC UC GAG CAAAGUC miRNA 3' U G A U 5'	-24.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5781	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G CU CAUCC CUGAA C A 3' CCAG UGCA UCUC AG UUCAG GGUC ACGU AGAG UC AAGUC miRNA 3' U C A 5'	-20.7 kcal/mol
gma-miR5032	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C UU UGAUUCAAAAGGCC A 3' UGGGG GCCUG GGAGUGGCUC AUCCC UGGGU UUUCACCGAG miRNA 3' U U A 5'	-32.0 kcal/mol
gma-miR5667-5p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' G AAGAGC UCAAGAAUUC U 3' GAGGCA GAUCUGA AUGGAUU CUUUGU CUAGACU UACCUAA miRNA 3' G 5'	-24.0 kcal/mol
gma-miR396h	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A UC ACUCUGCGGAAUUG C A 3' CAGUUC AGAA GGCUG GGA GUCAAG UCUU UCGAC CCU miRNA 3' U A 5'	-24.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR396h	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' A AUU A AGUA A 3' UAGUU GAGAAGGU GU GGA GUCAA UUCUUUCG CA CCU miRNA 3' G A 5'	sil
gma-miR408b-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G GUG G A 3' CGUGCUU GUUUGUUCU AG GCACGGG CGGACAAGG UC miRNA 3' A G 5'	-29.0 kcal/mol
gma-miR408b-5p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' G AUG UGCAGCUCCGUUGUG U 3' CGUGCU CUGCUU GUUUCCA GCACGG GACGGA CAAGGGU miRNA 3' C 5'	-26.2 kcal/mol
gma-miR408b-5p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U A CAAAGUUUG G A 3' CGUGC CU GCUUGUUCU AG GCACG GG CGGACAAGG UC miRNA 3' A G 5'	-26.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4375	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A C C CG UC C 3' GCUA GGCGU ACCAC GGU GGUG CGGU CCGCG UGGUG UCA CCAU miRNA 3' A C A 5'	-33.5 kcal/mo
gma-miR4380b	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C UG AAUUCAUCUCUCAAG GACAAG U 3' UCG GAUCUGU A GGCCAUG AGU UUAGGCA U CUGGUAU miRNA 3' U UG A 5'	-21.7 kcal/mol
gma-miR4388	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U U G GUUGG GG C 3' GC UGU GAU UGGU UCUUGGGAU CG ACA UUA ACCA GGGAUUCUA miRNA 3' G A A 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR828a	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' C CUGG G CGUGUU A 3' GGAG GC UAUUUGA GCAAGA CCUU UG GUAAACU CGUUCU miRNA 3' A A A 5'	-22.4 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR156e	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C CC U A A 3' UGCUCUU UCUUC UG UCA ACGAGAG AGAAG AC AGU miRNA 3' C AU C 5'	-23.5 kcal/mol
gma-miR156e	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A CC G C U 3' UGC CUUUAU CUUUU GUCA ACG GAGAUA GAAGA CAGU miRNA 3' C A C 5'	-20.2 kcal/mol
gma-miR156e	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U AAAG UG U 3' UGCUUUC UGUUUUCU GUCAG ACGAGAG AUAGAAGA CAGUC miRNA 3' C 5'	-25.3 kcal/mol
gma-miR10188	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C CA UCG ACUGGCUCC C C 3' GUCC AUCU GCA AAGUCGG GA CAGG UAGA CGU UUUAGUC CU miRNA 3' U AA U 5'	-21.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10188	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' G C ACAUA UAU A 3' GG CUUUGUUU GCAAA UCAGAGA UC GGAAUAGA CGUUU AGUCUCU miRNA 3' A U 5'	-26.1 kcal/mol
gma-miR159b-3p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C ACUUC G A 3' GGA GUUCCCUUC AUUUUAG CCU CGAGGGAAG UGAGGUU miRNA 3' A A 5'	-26.0 kcal/mol
gma-miR5675	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' G CACUAACUUAG C G 3' UUUCU AUUGUUG UGUCUUUG AAAGG UAACAAC GCAGAGAU miRNA 3' A 5'	-21.5 kcal/mol
gma-miR2118a-5p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U AGGGAAU AG A G 3' CUUUAC GAC CUCUCGUC CC GAAAUG CUG GAGGGUAG GG miRNA 3' G G A 5'	-25.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10443	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C UAGCCGACA GG GCG G 3' UGAGUU GUG GUUU UGGUUGA ACUUAA UAC CAAG GUCAGCU miRNA 3' U AA A 5'	-21.5 kcal/mol
gma-miR9741	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A A GA AAAGAAA A G 3' UG CU GCUC AGUUC AGCGCAU AC GA UGAG UCAAG UUGUGUA miRNA 3' A AG A 5'	-21.5 kcal/mol
gma-miR168a	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G UU GA AGG C 3' UUC G GC GCACCAAGUGA AAG C UG CGUGGUUCGCU miRNA 3' GG GA 5'	-30.3 kcal/mol
gma-miR168a	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A AUUACUUCC CCAAC G 3' UCCUGACU GCAUCA AGCGA AGGGCUGG CGUGGU UCGCU miRNA 3' A A 5'	-29.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR168a	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AUUAG AC A C 3' UCC GACC UGUGC AGGUGG AGG CUGG ACGUG UUCGCU miRNA 3' A G G 5'	-24.1 kcal/mol
gma-miR4343b	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A A CUA GAUUGA C 3' UUGAA CAACU UGGUC GUGGGG GGCUU GUUGA ACUAG CAUUCU miRNA 3' A A A 5'	-21.9 kcal/mol
gma-miR4343b	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G AACAACAAGGGUGC CGU UG UCU U 3' CCGAA UCG GCU UGGUUUGU GAGA GGCUU AGU UGA ACUAGACA UUCU miRNA 3' A 5'	-21.8 kcal/mol
gma-miR5775	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A CGA GUC U 3' GAGGUUCUU GGAGGA GCUUGU CUUCGAGAG UUUUCU CGAAUA miRNA 3' 5'	-23.6 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10416	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G CCUC U UUUU A 3' GGGCA UUCCAAUA GUUAG UCUU UCCGU AAGGUUGU CAGUU AGAA miRNA 3' C U 5'	-26.0 kcal/mol
gma-miR5776	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	arget 5' U ACAAU UCUAAUUG G 3' CACC GGCUUGGUCC AAGU GUGG UCGAGUCGGG UUCA miRNA 3' AU A 5't	-24.1 kcal/mol
gma-miR171o-3p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' C AGGA A A 3' GUGG GUUGGCAC GCUUGG CACU UAACCGUG CGAGUU miRNA 3' A A C 5'	-27.3 kcal/mol
gma-miR5037a	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G CAA ACUCUUC A AU A 3' CAGUGGU GGAA GUCUU GA GGC GUCAUCA CCUU CGGAA CU CCG miRNA 3' A 5'	-24.6 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5037a	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G A AUCCGAUA CA U 3' UAGUAGU GGAAGU UUUGA GGU GUCAUCA CCUUCG AAACU CCG miRNA 3' G 5'	-26.3 kcal/mol
gma-miR156ab	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G AUGACA CGG C 3' GGA GCUCUCGUCAC UGGAU CCU CGAGGGUAGUG AUUUA miRNA 3' G A 5'	-26.1 kcal/mol
gma-miR5668	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U CUCCG U GGC G 3' GCAG UUGUGG UUCCAU GCU CGUC GAUAUU AAGGUA CGA miRNA 3' A A 5'	-21.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4415a-3p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' A UU GU U C 3' CCA UGU UGAUGG GGAUUAA GGU ACA ACUACU CUUAGUU miRNA 3' AC 5'	-20.5 kcal/mol
gma-miR4385	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C ACAAG UGU U C 3' ACCAAUUGC UUCU AUGUC GAUU UGGUUAGUG AAGA UGUAG CUAA miRNA 3' AA 5'	-20.9 kcal/mol
gma-miR2118a-3p	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A GG AA C A 3' GGG UG GGUGGAG UGGCGG UCC AC CCACCUU GCCGUU miRNA 3' UU A 5'	-31.5 kcal/mol
gma-miR397a	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A UGCAAUUGAAACA U U 3' CAUCAACGUUGC ACUC AUGG GUAGUUGCGACG UGAG UACU miRNA 3' U 5'	-28.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR397a	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' A G G AAGCUUAGCUU C A 3' CAUUGA G UGCA CUCAGU GA GUAGUU C ACGU GAGUUA CU miRNA 3' G G 5'	-20.7 kcal/mol
gma-miR5782	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A CCUU AAGACAAGAUCU A G 3' UGG GCUUC UCCUAC UAGCUG ACU UGAAG AGGAUG GUCGAU miRNA 3' G 5'	-23.9 kcal/mol
gma-miR5782	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U AUCU ACCA AA U 3' UGA GCUU CCU GCCAGCU ACU UGAA GGA UGGUCGA miRNA 3' G GA U 5'	-23.6 kcal/mol
gma-miR10414	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' C U G G U 3' GUGCU GUGGUUU UUCU AGA CAUGG UACCAAG AAGA UCU miRNA 3' C U G 5'	-26.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR156r	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C CC U A A 3' UGCUCUU UCUUC UG UCA ACGAGAG AGAAG AC AGU miRNA 3' U AU C 5'	-23.6 kcal/mol
gma-miR156r	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' C CC G C U 3' AUGC CUUUAU CUUUU GUCA UACG GAGAUA GAAGA CAGU miRNA 3' A C 5'	-20.8 kcal/mol
gma-miR156r	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U AAAG UG U 3' UGCUUUC UGUUUUCU GUCAG ACGAGAG AUAGAAGA CAGUC miRNA 3' U 5'	-25.4 kcal/mol
gma-miR1535a	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' A ACC AAAUAUAA A 3' AGACA CACCA GAGCAAG UCUGU GUGGU UUUGUUC miRNA 3' A G 5'	-22.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1509a	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C A GG GCG G 3' CGAC GUGG UUU UGGUUGA GCUG CACU AGG ACUAAUU miRNA 3' G AA A 5'	-21.5 kcal/mol
gma-miR172l	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U A AGAA GG A 3' UGCAG GU GUCGAGAU CC ACGUC UA UAGUUCUA GG miRNA 3' U G G A 5'	-24.8 kcal/mol
gma-miR396k-3p	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C CCGCAUGGG GCAACCUCGUCGUGG UCCCC U 3' CUCCU GCAGC UUUCU UGAGC GAGGG UGUCG AAAGA ACUCG miRNA 3' A 5'	-24.8 kcal/mol
gma-miR396k-3p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' C AGUGGUAG AGGG AGGUGAGAUGC A 3' CUCC CACAGC UUUCU UGAGC GAGG GUGUCG AAAGA ACUCG miRNA 3' A 5'	-25.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1507a	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' G CU CAACACCC U 3' UCGG ACGA UAUGGAAUGGG AGUC UGCU AUACCUUACUC miRNA 3' AC U 5'	-23.2 kcal/mol
gma-miR1507a	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U ACUU UG U G 3' UCAGAC GAU AUGGAGU GAGG AGUCUG CUA UACCUUA CUCU miRNA 3' CA 5'	-25.3 kcal/mol
gma-miR1507a	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' C G AAG C GC G 3' CAGG GGUG GUGGAG UG GGA GUCU CUAC UACCUU AC UCU miRNA 3' A G A 5'	-23.2 kcal/mol
gma-miR4364a	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U GG CG A UGGC C 3' AACU UUC UCUGUG CG GUCUCGUG UUGG AAG AGGCAC GC UAGAGCGC miRNA 3' A 5'	-28.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR171n	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A G U G C 3' GAGGUA UGAUGC GGUU GA UUCUAU ACUGCG CCGA UU miRNA 3' A A G 5'	-24.8 kcal/mol
gma-miR171n	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C UGCCUG UCAAAAGGCCGGA C 3' UGGGGU UGAU GUGGCUCA AUUCUA ACUG CGCCGAGU miRNA 3' UA U 5'	-22.1 kcal/mol
gma-miR1446	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C A GCUAA GA A 3' UUGA GGA GAGAGUU CGGAA AACU CCU CUCUCAA GUCUU miRNA 3' U C 5'	-23.6 kcal/mol
gma-miR10427b	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AAGCU AGGCUU U 3' GGUUCUG CCCAA UUCUCUU UCGAGAU GGGUU AAGAGAA miRNA 3' G C C 5'	-24.2 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1520n	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A UGAUUCA AG GGUA GAUG A 3' UGUC ACGUG A GU CUGGUUGG ACAG UGCAC U CA GACUAACU miRNA 3' AG A A 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR9726	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U C A G 3' GAGAGA AAGGUAGU CCUGUG UUCUUU UUUUAUUA GGAUAU miRNA 3' C C 5'	-20.3 kcal/mol
gma-miR5225	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' U C CAC CC C A 3' CG CGUCUC CCU GCGGC GG GC GUAGAG GGA UGCUG CC miRNA 3' C A A U 5'	-26.1 kcal/mol
gma-miR156aa	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C UCCGGAAU A 3' GCUCCUUUC GCUCUGA CGAGGGAAG UGAGGUU miRNA 3' U A 5'	-25.2 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR156aa	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U AUA C G 3' GC CUUUC CUCCAGU CG GGAAG GAGGUUA miRNA 3' U AG U 5'	-21.8 kcal/mol
gma-miR4993	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C A UUCA A 3' CGUC UCCGCCGCCGCC GCUC GUAG AGGUGGCGGCGG CGAG miRNA 3' G 5'	-41.5 kcal/mol
gma-miR167f	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C UUGGUGA A GGC A 3' AAGAUC AUGC UGGUGGCU CA UUCUAG UACG ACCGUCGA GU miRNA 3' A 5'	- 25.7 kcal/mol
gma-miR167f	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' G GGG A U A A 3' AAGGUUG G CUGG CGGCU CG UUCUAGU C GACC GUCGA GU miRNA 3' A A 5'	-23.3 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR167f	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U UUU CUAGGAAUCUUGCUG UU G 3' GAGAUU GUGC UGGU GCUUCA UUCUAG UACG ACCG CGAAGU miRNA 3' U 5'	-24.4 kcal/mol
gma-miR10415	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' C UUU A U G 3' AGAUUC GCUCGC AUUCUGA GG UCUAGG UGAGUG UAAGAUU CU miRNA 3' UU A 5'	-26.2 kcal/mol
gma-miR4349-5p	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A AGC C CCCC C 3' CUUUG UCUUG CUC UGGCCAGU GAAAC AGAAU GAG AUCGGUUA miRNA 3' A A U 5'	-24.8 kcal/mol
gma-miR167l	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A UUGGUGA A GGC A 3' AGAUC AUGC UGGUGGCU CA UCUAG UACG ACCGUCGA GU miRNA 3' A 5'	-24.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5783	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G GAGUUCGGC CG A CAA U 3' GCGUG UCC C CCCG CGUCGUC CGCGC AGG G GGGC GCAGCAG miRNA 3' A A 5'	-31.4 kcal/mol
gma-miR5377	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A ACAAUUC A AUCUCC U G 3' AGCA UUCUACA UGG UCCUUC G UCGU AAGAUGU GCU AGGAAG C miRNA 3' A U 5'	-23.8 kcal/mol
gma-miR167b	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A UUGGUGA A GGC A 3' AGAUC AUGC UGGUGGCU CA UCUAG UACG ACCGUCGA GU miRNA 3' A A 5'	-25.5 kcal/mol
gma-miR2109-5p	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' G C UUCGGCUCCC C A 3' CAGGG GUGGAG GCAC CGCA GUCUC CGCUUC UGUG GCGU miRNA 3' A 5'	-26.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5037c	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C G G G C 3' GCAGG C UGGAGUUC GCU CGUCC G GUUUCAAG UGA miRNA 3' G A G 5'	-26.6 kcal/mol
gma-miR1520p	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C CG CCGCCUUCAGCUC AUGU A 3' ACCGUCAUC CCG AUG ACAACA UGGCAGUAG GGU UAU UGUUGU miRNA 3' UA A 5'	-28.5 kcal/mol
gma-miR169s-3p	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A U CU AUCAUUC A A 3' GC GCC GGA UUGC UUGCC CG CGG UCU AAUG AACGG miRNA 3' U UU C 5'	-23.9 kcal/mol
gma-miR167c	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' A UUGGUGA A GGC A 3' AGAUC AUGC UGGUGGCU CA UCUAG UACG ACCGUCGA GU miRNA 3' G A 5'	-25.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR172k	Glycine max trans-cinnamate 4-monooxygenase (C4H), mRNA.	NM_001250388.3	target 5' C C C ACG A 3' UGC G CGUCGUCGAGG UCA ACG C GUAGUAGUUCU AGU miRNA 3' U U A 5'	-24.7 kcal/mol
gma-miR396e	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' G UC ACUCUGCGGAAUUG C A 3' ACAGUUC AGAA GGCUG GGAA UGUCAAG UCUU UCGAC CCUU miRNA 3' U A 5'	-27.0 kcal/mol
gma-miR10446	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U CUC UAGC AG GGGUUUGCGU G 3' GGGUU UGAGUU CGAC UG GGUUGA UCCGA ACUCGA GCUG AC UCAACU miRNA 3' A 5'	-24.5 kcal/mol
gma-miR396f	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A A CUGAAGAUCUUAU G 3' GGGC AUAAGGAGUUUA GGAAAGU UCCG UAUUCUUCAAGU UCUUUCG miRNA 3' A A 5'	-30.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR156c	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A GA UUCCU UC C 3' UGCUCU A UCU UCUGUUAA ACGAGA U AGA AGACAGUU miRNA 3' C GA 5'	-22.6 kcal/mol
gma-miR10187	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A ACUUC UAAAGAUGAAUUCAA AU U 3' GGUUC ACAAUU A UCCUCG CCAAG UGUUAA U AGGAGC miRNA 3' A GU 5'	-20.3 kcal/mol
gma-miR4360	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U U GUGCAUUUGAAG UGUAGGAAGUA C 3' UCG UCUGUACGUA UGUC AGCUG AGU AGGCAUGCAU GCAG UUGAC miRNA 3' C U 5'	-23.9 kcal/mol
gma-miR396c	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C UC ACUCUGCGGAAUUG C A 3' AGUUC AGAA GGCUG GGAA UCAAG UCUU UCGAC CCUU miRNA 3' U U A 5'	-22.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4414a-5p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U AGUG UGC G 3' AGCCGAC GGGUU GUGGUU UCGGUUG CUCAG CGUCGA miRNA 3' C U 5'	-23.3 kcal/mol
gma-miR408a-3p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U UAU AUU CAUUCGUUCUGUAC U 3' GUC GGGAG GAG GUAGUGCAU CGG CCCUU CUC CGUCACGUA miRNA 3' U 5'	-25.3 kcal/mol
gma-miR160b	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A CG U UGCGUGGUUG A 3' GC ACAG GGGGUU AGGCA CG UGUC CCUCGG UCCGU miRNA 3' C UA 5'	-27.5 kcal/mol
gma-miR159b-5p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U A UGCCAUCA A U 3' GAC UUGGAGUGCA G GGAAUUU CUG AACCUCACGU C CCUUGAG miRNA 3' 5'	-28.3 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR171k-3p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C GG U G G 3' AGUG GUU GCGUGGUU AG UCAC UAA CGCGCCGA UU miRNA 3' UA C G 5'	-26.3 kcal/mol
gma-miR5673	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' G GAAUCA AACUAACGAAGCAAA GUCG C 3' AUGUCUUCU GUGA GAU UCCAUG UACAGAAGG CGCU CUA AGGUGC miRNA 3' 5'	-23.2 kcal/mol
gma-miR396i-5p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A UC ACUCUGCGGAAUUG C A 3' CAGUUC AGAA GGCUG GGAA GUCAAG UCUU UCGAC CCUU miRNA 3' U A 5'	-24.9 kcal/mol
gma-miR156w	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1,	XM_041013808.1	target 5' A UGAAUUCC C A 3' UGCUC UUCUU UCUGUUA ACGAG GAGAG AGACAGU miRNA 3' C U A 5'	-22.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR156k	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A UGAAUUCC C C 3' UGCUC UUCUU UCUGUUAA ACGAG GAGAG AGACAGUU miRNA 3' C U A 5'	-23.5 kcal/mol
gma-miR171t	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' A G U G C 3' GAGGUA UGAUGC GGUU GA CUCUAU ACUGCG CCGA UU miRNA 3' A A G 5'	-26.8 kcal/mol
gma-miR171o-5p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' U AGGCUGCCGU C U 3' GGUUGGACUG UGCCA UAUCU CUAACUUGGC AUGGU AUAGA miRNA 3' U 5'	-23.7 kcal/mol
gma-miR4384	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcriptvariant X1	XM_041013808.1	target 5' A GAUUCAACG AG AUG G 3' UGUCU UGAG GUAGUG CUGGUU GCAGA ACUU CGUCAC GACUAA miRNA 3' A A A 5'	-25.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR482c-3p	PREDICTED: Glycine max chalcone isomerase (CHI3B1), transcript variant X1, mRNA.	XM_041013808.1	target 5' C U UGC AAAAAACGUU U 3' GGAA UGGGC GGAA UUGGGA CCUU ACCCG CCUU AACCCU miRNA 3' U U 5'	-28.8 kcal/mol
gma-miR4369	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G UG A CU AG CGU G 3' UU UUCUG GAUCA GC UGA UCC GG AAGGC CUAGU CG ACU AGG miRNA 3' A UG A 5'	-26.2 kcal/mol
gma-miR10194	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U G AUG UUGGAU A 3' UUGU CAUAU GCACCUUCA GCA AACA GUAUG UGUGGAAGU UGU miRNA 3' G 5'	-26.1 kcal/mol
gma-miR5764b	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A A G GUUGA G 3' GG UG UGAGU AGAGAUCCGUCA CC AU GUUCG UUUCUAGGUAGU miRNA 3' G 5'	-26.2 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4356	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' C A CACUG G C 3' CCUGG CU UUGAGACGGUU UG GGACC GA GAUUCUGUCAG AC miRNA 3' C AA G 5'	-29.3 kcal/mol
gma-miR4407	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G UCGC UGUG G A 3' GGUGC GUGCU GUUU UUCUG CCAUG CACGA CGAA GAGAC miRNA 3' UU G 5'	-26.0 kcal/mol
gma-miR2119	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A GAU AU C A 3' UCUCU UACAACUCU CUU UGG AGGGG AUGUUGAGG GAA ACU miRNA 3' A 5'	-23.0 kcal/mol
gma-miR482b-3p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U GU U ACCAAA U AA G 3' GGUG UG GGAGGU GU GGGA AGA CCAU AC CCUCCA CA CCCU UCU miRNA 3' U 5'	-26.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1520b	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' C UGG CAGCU U 3' CUUGUU AGAUGGUG GCUGUCAU GAAUAA UUUACUAC UGACAGUG miRNA 3' A 5'	-25.5 kcal/mol
gma-miR159b-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G CACAACU AAGGCCUUGAU UGU U 3' GACUUGG GGUG UGGGG GCUC CUGAACC UCAC GUCCC UGAG miRNA 3' U 5'	-24.8 kcal/mol
gma-miR319d	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U AUUGAUGG A G AAGUUGGACUCACUU U 3' GAAGGGGCU CC CCUUC AG UCCA CUUCCUCGA GG GGAAG UC AGGU miRNA 3' 5'	-28.1 kcal/mol
gma-miR159a-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A CACUUUCCAUCUCC U C 3' AGUUGGACU UCAAGGA GUUC UUAACCUGA AGUUCCU CGAG miRNA 3' G 5'	-28.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR171t	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' C CACUGCAG UCCGU C C 3' UGAGAU UGACGU GGC CAA ACUCUA ACUGCG CCG GUU miRNA 3' UA A 5'	-23.0 kcal/mol
gma-miR9731	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U AA AG GU G 3' GC GGCA ACAUGGUG UGUG CG CCGU UGUGCUAU ACAU miRNA 3' AA A 5'	-23.5 kcal/mol
gma-miR159e-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A CACUUUCCAUCUCC U C 3' AGUUGGACU UCAAGGA GUUC UUAACCUGA AGUUCCU CGAG miRNA 3' 5'	-27.8 kcal/mol
gma-miR399n	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U U UGG C 3' GGGGUG GCUCUU UUUUGGC UCCCGU CGAGAG GAAACCG miRNA 3' G U 5'	-30.2 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR319q	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U AUUGAUGGCCA G AAGUUGGACUCACUU U 3' GAAGGGGCU CCUUC AG UCCA CUUCCUCGA GGAAG UC AGGU miRNA 3' G 5'	-25.8 kcal/mol
gma-miR172i-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U GG AAGCCUUGUU GGAGA A U 3' UGUG UC U UGGUGC GCUGC ACAC AG A ACUACG CGACG miRNA 3' UU A 5'	-25.9 kcal/mol
gma-miR482c-3p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' A CAAGACAU UU GGUACCAAA A 3' AGG GGUGG GUGGA GUUGGGAA UCC UUACC CGCCU UAACCCUU miRNA 3' 5'	-25.4 kcal/mol
gma-miR399h	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' U U UGG C 3' GGGGUG GCUCUU UUUUGGC UCCCGU UGAGAG GAAACCG miRNA 3' G U 5'	-27.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR166a-5p	Glycine max chalcone synthase 2 (CHS2), mRNA.	NM_001360424.1	target 5' G UUUGGACU A CC A 3' CUUG GC CAGACAAU UUCC GAGC CG GUCUGUUG AAGG miRNA 3' G U U 5'	-23.9 kcal/mol
gma-miR167l	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A GGG A U A A 3' AGGUUG G CUGG CGGCU CG UCUAGU C GACC GUCGA GU miRNA 3' A A 5'	-22.3 kcal/mol
gma-miR10420	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C UGAGCUUGUGAA G G 3' AAGAGGGUGAU GGUU GGG UUUUUUUACUA CCAA UCC miRNA 3' G 5'	-20.1 kcal/mol
gma-miR156c	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C CC U A C 3' UGCUCUU UCUUC UG UCAA ACGAGAG AGAAG AC AGUU miRNA 3' C AU 5'	-24.0 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR167b	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A GGG A U A A 3' AGGUUG G CUGG CGGCU CG UCUAGU C GACC GUCGA GU miRNA 3' A A A 5'	-23.0 kcal/mol
gma-miR395c	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' G GG A AUUG A 3' GAGU CUC CAAG ACUUCAG CUCA GGG GUUU UGAAGUC miRNA 3' AG G 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR156t	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C CC U A C 3' UGCUCUU UCUUC UG UCAA ACGAGGG AGAAG AC AGUU miRNA 3' C AA 5'	-23.4 kcal/mol
gma-miR396c	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' G GAGC AC A 3' AAG UAAGAGAGUUG GGAA UUC GUUCUUUCGAC CCUU miRNA 3' AA A 5'	-22.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR396i-5p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A GAGC AC A 3' AG UAAGAGAGUUG GGAA UC GUUCUUUCGAC CCUU miRNA 3' G AA A 5'	-21.8 kcal/mol
gma-miR1507b	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' G U C GCUACGACAACACCC U 3' GGAC GGU G UAUGGAAUGGG UCUG CUA C AUACCUUACUC miRNA 3' G U 5'	-20.9 kcal/mol
gma-miR171t	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C UGCCUG UCAAAAGGCCGGA C 3' UGGGGU UGAU GUGGCUCA ACUCUA ACUG CGCCGAGU miRNA 3' UA U 5'	-24.2 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR169s-3p	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C UCCCGUUGGUGAU CCUG C 3' CAGCU GGGAUUAC UGCCG GUCGG UUCUAAUG ACGGC miRNA 3' C U A 5'	-24.3 kcal/mol
gma-miR167c	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' A GGG A U A A 3' AGGUUG G CUGG CGGCU CG UCUAGU C GACC GUCGA GU miRNA 3' G A A 5'	-23.0 kcal/mol
gma-miR395d	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC1007958	XM_014763844.3	target 5' A C AGCGAU CUA G 3' AAAGU UCCUUCAG GCACU UCA UUUCA AGGGGGUU UGUGA AGU miRNA 3' 5'	-22.6 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1512b	PREDICTED: Glycine max caffeoyl-CoA O-methyltransferase 5 (LOC100795858), mRNA.	XM_014763844.3	target 5' C GG GAAUA C 3' UGCUU AAGGAUUU UUAGUUA ACGAA UUCUUAAA GGUCAAU miRNA 3' U A 5'	-20.5 kcal/mol
gma-miR394c-5p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U AA UU AGAAGUCGAGAUG C 3' GGA GUGG GCAGAGU GCCAA CCU CACC UGUCUUA CGGUU miRNA 3' C 5'	-23.5 kcal/mol
gma-miR5783	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U G AUGCUGCUUUGCAG G U 3' CGCGU CU CUCCGUUGU GUU GCGCA GA GGGGCAGCA CAG miRNA 3' C G G 5'	-29.7 kcal/mol
gma-miR156c	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A CC G C U 3' UGC CUUUAU CUUUU GUCA ACG GAGAUA GAAGA CAGU miRNA 3' C A U 5'	-20.3 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4395	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' C U UAGAAC UCCU U 3' CUCA GUCC AUGCUCCU AUCC GAGU CGGG UAUGAGGA UAGG miRNA 3' U U 5'	-27.7 kcal/mol
gma-miR10439	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' C AGGUGU AUAA U 3' GCUC GUAUUAUC GUUUG CGAG CGUAAUAG CAGAC miRNA 3' C AU A 5'	-20.6 kcal/mol
gma-miR394b-3p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' C AGAUAUGUUUGAAAA AAAGGAGAC A 3' GUUGGCGG UGUGCCU GCC CAACUGUC AUACGGG UGG miRNA 3' U A 5'	-25.1 kcal/mol
gma-miR160b	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U C AUCGGCAAC U 3' GGCG UGCA GGAGCUGGGCG CCGU AUGU CCUCGGUCCGU miRNA 3' C 5'	-29.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5670a	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U CUUCAUGAU A A 3' AUGAAGUGGAUA UGG GUGAUG UACUUCGUUUAU ACC UACUAC miRNA 3' A 5'	-24.9 kcal/mol
gma-miR171k-3p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U G G U G 3' GUG AUGUUGGU GUGG CUUGG CAC UAUAACCG CGCC GAGUU miRNA 3' U 5'	-25.2 kcal/mol
gma-miR393f	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U C GAUAUGAAUGCU UC A U 3' GG AUCA AUGU GA CCUUUUGGA CC UAGU UACG CU GGGAAACCU miRNA 3' A 5'	-22.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1507c-3p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' U AGAAG C CUACAA U 3' GAUGA GUU UGGAGUG AGG CUACU CAA ACCUUAC UCC miRNA 3' U A 5'	-20.1 kcal/mol
gma-miR1531-3p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A A AC GC U A 3' GACAAG UCUUCCU AUA UGG CGG CUGUUC AGAAGGG UAU ACC GCU miRNA 3' U 5'	-28.7 kcal/mol
gma-miR10421	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' A U GUAUUA AAG U 3' CACGCUCAGG GU UCAU UUUG GUGCGAGUUC CA AGUA AGAC miRNA 3' G G 5'	-25.9 kcal/mol
gma-miR164d	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803	XM_003554738.5	target 5' U AUG UGCAG U 3' CGCGUGCU CUGCUU CUCCG GUGCACGG GACGAA GAGGU miRNA 3' C 5'	-29.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR166a-5p	PREDICTED: Glycine max caffeic acid 3-O-methyltransferase (LOC100803633), mRNA.	XM_003554738.5	target 5' C UG UUGCUUCA G CU U 3' CCUUGA GCC AGACAA AU UCC GGAGCU CGG UCUGUU UA AGG miRNA 3' G 5'	-25.3 kcal/mol
gma-miR167l	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A A U UG UU G 3' GG AUC UGC UGGU GCUUCA UC UAG ACG ACCG CGAAGU miRNA 3' U U 5'	-23.7 kcal/mol
gma-miR9743	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AUGG UUGAUCAGCAUU G 3' GUGUUUUC UCAG AGUAUUCUCU CGUAAAAG AGUU UCGUGAGAGA miRNA 3' C A 5'	-24.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR156c	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U AAAG UG U 3' UGCUUUC UGUUUUCU GUCAG ACGAGAG AUAGAAGA CAGUU miRNA 3' C 5'	-23.8 kcal/mol
gma-miR167b	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A A U UG UU G 3' GG AUC UGC UGGU GCUUCA UC UAG ACG ACCG CGAAGU miRNA 3' A U U 5'	-24.4 kcal/mol
gma-miR395c	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A GAAGCU G UUUCUCUUU G 3' GGUUCU CCCAAA GCU UCAG UCAAGG GGGUUU UGA AGUC miRNA 3' C G 5'	-24.3 kcal/mol
gma-miR6300	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AAGGUG AAAGAAU A 3' CCACUGUGC GCA AUGGC GGUGAUAUG UGU UGCUG miRNA 3' A 5'	-21.3 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5037c	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AAGAUUUCGU A G U 3' GCAG GC CUCAAAGUUU GCU CGUC CG GAGUUUCAAG UGA miRNA 3' G 5'	-25.8 kcal/mol
gma-miR171k-3p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U GA GUUGUUA A C 3' AGUGGUG GGUGU GGU CAA UCACUAU CCGCG CCG GUU miRNA 3' AA A 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR4416c-5p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A ACUCC AUAUAUUCUA U 3' GUGC UGUUUCUCU CAUCUA UAUG ACAAAGAGA GUGGGU miRNA 3' C C 5'	-20.3 kcal/mol
gma-miR4340	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U AAAUAU AUUGUUUUUAUC G 3' UGAGCGC UCUUUGUCU UUGCA AUUCGCG AGGGAUAGA GACGU miRNA 3' C 5'	-25.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR164g	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AUA ACU U 3' GUAC GUGC CCUGUUUCUCUA CGUG CACG GGACGAAGAGGU miRNA 3' A 5'	-31.0 kcal/mol
gma-miR5041-5p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A UG C C 3' UUGA GAGUUGAGGGUG AAA AACU UUCAACUUCUAC UUU miRNA 3' CG 5'	-23.3 kcal/mol
gma-miR1507b	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U ACUU UG U G 3' CAGAC GAU AUGGAGU GAGG GUCUG CUA UACCUUA CUCU miRNA 3' CA 5'	-22.8 kcal/mol
gma-miR169s-3p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' U U AAAG G A 3' GC GCUAGGGAU UACUU GCC CG CGGUUUCUA AUGAA CGG miRNA 3' U C 5'	-26.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR167c	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A A U UG UU G 3' GG AUC UGC UGGU GCUUCA UC UAG ACG ACCG CGAAGU miRNA 3' G U U 5'	-24.4 kcal/mol
gma-miR159a-3p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' C U GA A U 3' AG GCUUCU UUCAA UCAAG UC CGAGGG AAGUU GGUUU miRNA 3' A U A 5'	-21.7 kcal/mol
gma-miR164d	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A AUA ACU U 3' GUAC GUGC CCUGUUUCUCUA CGUG CACG GGACGAAGAGGU miRNA 3' 5'	-29.3 kcal/mol
gma-miR172i-5p	PREDICTED: Glycine max tyrosine decarboxylase (LOC100787822), mRNA.	XM_003547271.5	target 5' A GG CAUG UAU U 3' UGUG UC UUGAUGCUGCU GC ACAC AG AACUACGACGA CG miRNA 3' UU 5'	-32.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1513a-3p	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' C CUUAUUUG UUUC U 3' ACCAUGAUUU AUACG CAUUUGA UGGUACUGAA UAUGU GUAAAUU miRNA 3' U 5'	-22.2 kcal/mol
gma-miR396e	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U AC ACAUCUAU A C 3' GCAG UCA AGAAGGUU UGGAA UGUC AGU UCUUUCGA ACCUU miRNA 3' A C 5'	-22.5 kcal/mol
gma-miR4412-5p	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U UGAGAGACAAGGUAG U 3' GGGUAGGGA UACCUGUGGC UCCGUUUCU AUGGGCGUUG miRNA 3' C U 5'	-26.2 kcal/mol
gma-miR395c	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' A A GUAAAUUAAUUAAGC G A 3' AG UCCCUCA AGCACU CAG UC AGGGGGU UUGUGA GUC miRNA 3' C A A 5'	-24.5 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4356	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U C GUGCCA CAUAC U C 3' CCU GGC UCU GGACA GUCCUG GGA CCG AGA UCUGU CAGGAC miRNA 3' C AA U 5'	-27.3 kcal/mol
gma-miR4347	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' A G AAUACGA UCUUU U 3' AUCGA UUGAUC GUAA AAGUUU UAGUU AACUAG CAUU UUCGAA miRNA 3' G G C 5'	-20.8 kcal/mol
gma-miR4343a	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' A G AAUACGA AUCUUUA A 3' AUCGA UUGAUC GUA AGUUUUU UAGUU AACUAG CAU UCAAAAA miRNA 3' G G A 5'	-21.7 kcal/mol
gma-miR169n-3p	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase	XM_003526568.5	target 5' A UUAU AA CAA U G G 3' GCCAAG AGA AACUU GCCG G G CGGUUC UCU UUGAA CGGC C U miRNA 3' G 5'	-23.4 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR1510a-3p	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' A UAACAAGAAAGGU C UUUAUUCC G 3' GGUGGA UGGGUGGA CA ACAG CCACCU AUCCAUUU GU UGUU miRNA 3' C U U 5'	-21.8 kcal/mol
gma-miR394a-3p	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' C UU UA GAG A 3' AGAGU GU GGUCA ACAGAGC UUUCA CA UCGGU UGUCUCG miRNA 3' A 5'	-24.3 kcal/mol
gma-miR395d	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U A GUAAAUUAAUUAAGC G G 3' AAG UCCCUCA AGCACU CA UUC AGGGGGU UUGUGA GU miRNA 3' U A A 5'	-22.9 kcal/mol
gma-miR168b	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' C A AGA G G 3' CCC ACC GCAC AAGUGG GGG UGG CGUG UUCGCU miRNA 3' C A G 5'	-26.9 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR166a-5p	PREDICTED: Glycine max flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase (LOC100816829), mRNA.	XM_003526568.5	target 5' U CGU UCUCAUACG UGUCCU A C 3' CCUCGG GCCA GACA GCAUU CC GGAGCU CGGU CUGU UGUAA GG miRNA 3' 5'	-24.2 kcal/mol
gma-miR9742	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A CACG CGG A 3' GC UGCAAAGCG AGCAACACA CG AUGUUUUGU UUGUUGUGU miRNA 3' A 5'	-25.9 kcal/mol
gma-miR172g	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A CCC AC GGUGCG G 3' UGA CUUGA UGG GCUGC ACU GAACU ACC CGACG miRNA 3' C UA A 5'	-23.8 kcal/mol
gma-miR482a-5p	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A A GCG A C G 3' CAGCU CG UC CCA CGGGUUC GUCGG GU AG GGU GUUUAAG miRNA 3' A A A 5'	-23.6 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR10417	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A AU AUCACAAA U 3' GGUUUGAA UUUGGAGGCA GCUUC CCAAGUUU AGACCUUUGU CGGAG miRNA 3' C 5'	-28.2 kcal/mol
gma-miR5373	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' C A CUC G C 3' CGUCGUC AG GGU GAGAGA GUAGUAG UC UUA UUCUCU miRNA 3' U A G 5'	-22.2 kcal/mol
gma-miR6300	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G ACA U A 3' CACUG GCUACGGCG C GUGAU UGAUGUUGC G miRNA 3' G A U 5'	-22.1 kcal/mol
gma-miR4414a-5p	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G CCUCG G AGC U A 3' GAGCCA ACGA GUCA GCA GCU CUCGGU UGCU CAGU CGU CGA miRNA 3' 5'	-28.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR4392	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G UUCAGCA U A 3' UCUGAAGUUAU AUUUUUGC GA AGGCUUUAGUG UAAAAGCG CU miRNA 3' U 5'	-23.9 kcal/mol
gma-miR10439	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' U UUGGCCUCA U A A 3' GGUUCUGGC AUUG UCU UUUG CCGAGAUCG UAAU AGA AGAC miRNA 3' C 5'	-21.1 kcal/mol
gma-miR5037c	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G UU UU U 3' GC GGCCUCAA GUUCUAUU CG CCGGAGUU CAAGGUGA miRNA 3' U U 5'	-28.4 kcal/mol
gma-miR160b	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A UAUG U CCUCGACGA C 3' GGC GC GGGAGCCA GGU CCG UG CCCUCGGU CCG miRNA 3' UA U U 5'	-29.4 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5036	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G A ACCGGAGAACCAAA CGCU G 3' UGCU CCUCCC CAGGG GCCUU AUGA GGAGGG GUUCC CGGAG miRNA 3' A A 5'	-29.9 kcal/mol
gma-miR156w	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' U A GAGC A 3' UGCUC AUUCUCU UUGUCA ACGAG UGAGAGA GACAGU miRNA 3' C A 5'	-27.2 kcal/mol
gma-miR156k	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' U A GAGC U 3' UGCUC AUUCUCU UUGUCAA ACGAG UGAGAGA GACAGUU miRNA 3' C A 5'	-27.9 kcal/mol
gma-miR1507b	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' C G AAG C GC G 3' CAGG GGUG GUGGAG UG GGA GUCU CUAC UACCUU AC UCU miRNA 3' G A 5'	-22.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR5766	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G G GG U 3' UUG UUCU CUUGGCCUCAA AAC GAGA GAGUCGGAGUU miRNA 3' G G A 5'	-28.9 kcal/mol
gma-miR394a-3p	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' G G C 3' AAGGUG AGCUGGCGGAGU UUUCAC UCGGUUGUCUCG miRNA 3' A A 5'	-28.4 kcal/mol
gma-miR482c-3p	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A GG AA C C G 3' GGG UG GGUGGAG UGG GGA UCC AC CCGCCUU ACC CUU miRNA 3' UU A 5'	-28.8 kcal/mol
gma-miR168b	Glycine max phenylalanine ammonia-lyase 2.1 (PAL2.1), mRNA.	NM_001250027.2	target 5' A C G A 3' CUG UUUGUGCCAAG GA GGC GGACGUGGUUC CU miRNA 3' G U G 5'	-25.8 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

gma-miR9722	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' A C GCA U 3' UC UCU UUUUUCUUCUAUU AG AGA AGAAGGGAGAUAA miRNA 3' A U U 5'	-20.1 kcal/mol
gma-miR396e	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U AUU A AGUA G 3' AUAGUU GAGAAGGU GU GGAA UGUCAA UUCUUUCG CA CCUU miRNA 3' G A 5'	-22.0 kcal/mol
gma-miR5767	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U AUCCUCUCCUGAAAG CUGCAAACAUCAUUU UAUAU U 3' UGCAC CUUCAGAGG U CCUCCA ACGUG GAAGUUUCC A GGAGGU miRNA 3' 5'	-23.9 kcal/mol
gma-miR172e	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U GU C AU AUAGGA A 3' UGCUG GUG UAUCA AGGU UCC ACGAC CGU GUAGU UCUA AGG miRNA 3' G GU A 5'	-27.1 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

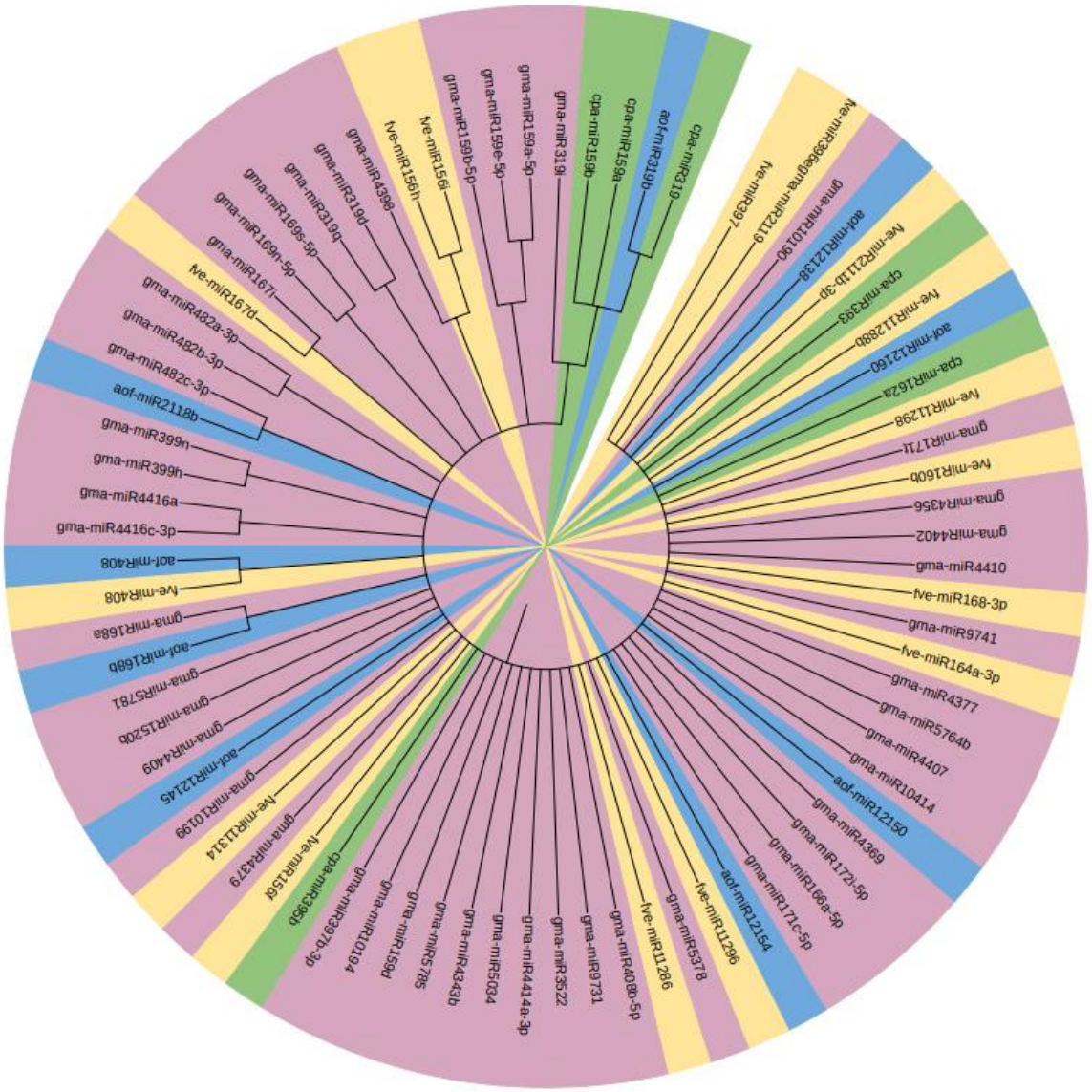
gma-miR160b	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' U CA UU CU U C 3' GGCA GC GGAGCCA G GCA CCGU UG CCUCGGU C CGU miRNA 3' A UC 5'	-26.5 kcal/mol
gma-miR159a-5p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G A U UA AUGACA U 3' CAG UGG CUU CAGGGA GCUC GUU ACC GAA GUUCCU CGAG miRNA 3' A U 5'	-22.3 kcal/mol
gma-miR393c-3p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G GAAUC U UAUC A 3' GAUCCAAAG GGAUA GC GUGG UUAGGUUUC CCUAU CG UACU miRNA 3' A 5'	-22.8 kcal/mol
gma-miR396i-5p	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' A AUU A AGUA G 3' UAGUU GAGAAGGU GU GGAA GUCAA UUCUUUCG CA CCUU miRNA 3' G A 5'	-20.7 kcal/mol

Tablo 4.8 Soya fasulyesi miRNA'larının hedef genleri (devamı)

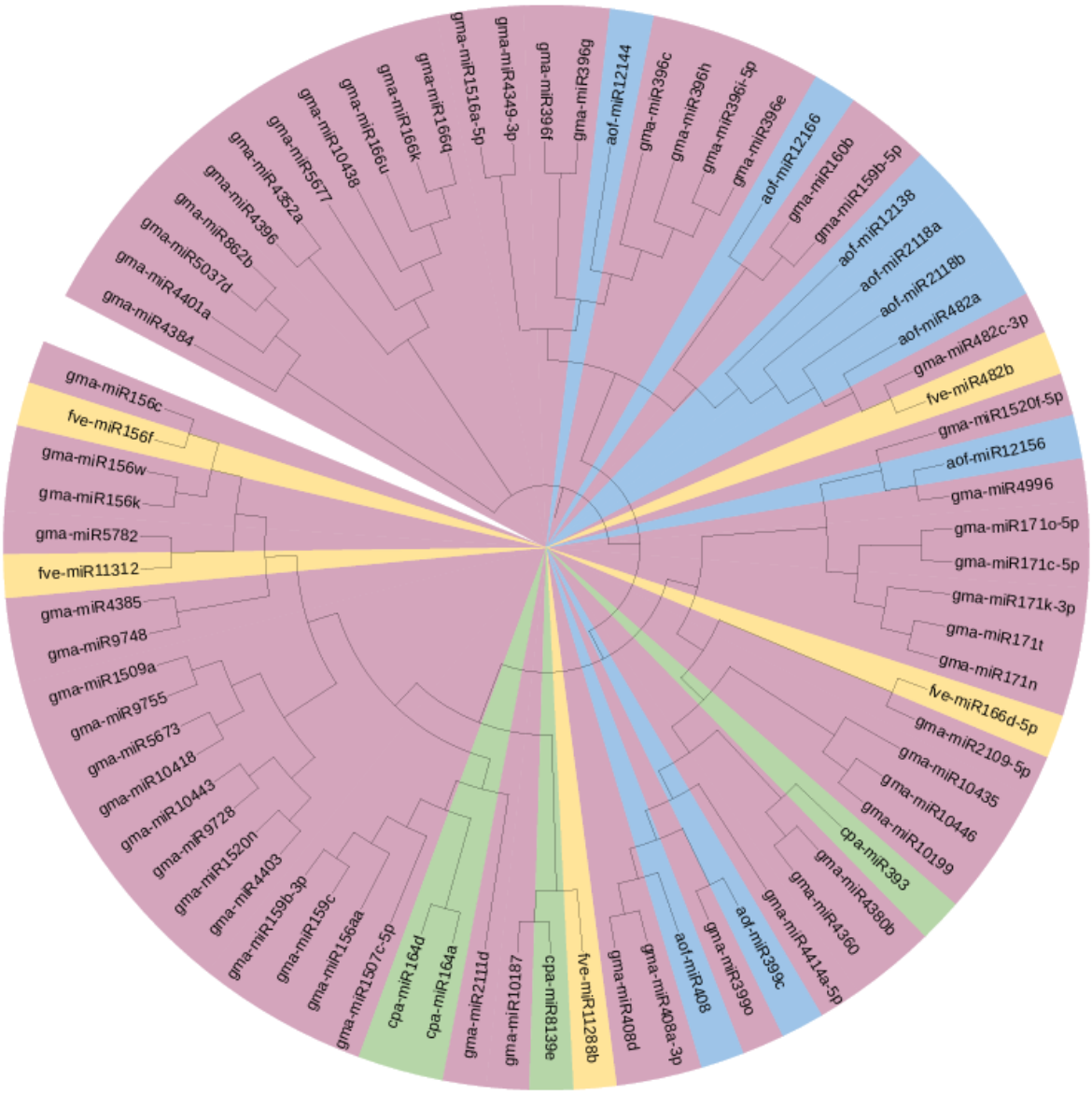
gma-miR164g	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G UCU AGAAAGACAAGA CAUA AGAG A 3' GCG CGUGC CCU GCU UCUCCA CGU GCACG GGA CGA AGAGGU miRNA 3' A 5'	-25.1 kcal/mol
gma-miR5766	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G ACA C CUGAA A 3' CUUGC UC UCUC AGCUUCAG GAACG AG AGAG UCGGAGUU miRNA 3' G A 5'	-26.2 kcal/mol
gma-miR172k	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' A A UC CCGGU C A 3' AUG CAGC UCGUCA GGAU CA UAC GUCG AGUAGU UCUA GU miRNA 3' U A 5'	-21.7 kcal/mol
gma-miR164d	PREDICTED: Glycine max tropinone reductase (LOC100780806), mRNA.	XM_003539497.4	target 5' G UCU AGAAAGACAAGA CAUA AGAG A 3' GCG CGUGC CCU GCU UCUCCA CGU GCACG GGA CGA AGAGGU miRNA 3' 5'	-23.4 kcal/mol

4.4 Filogenetik Analiz

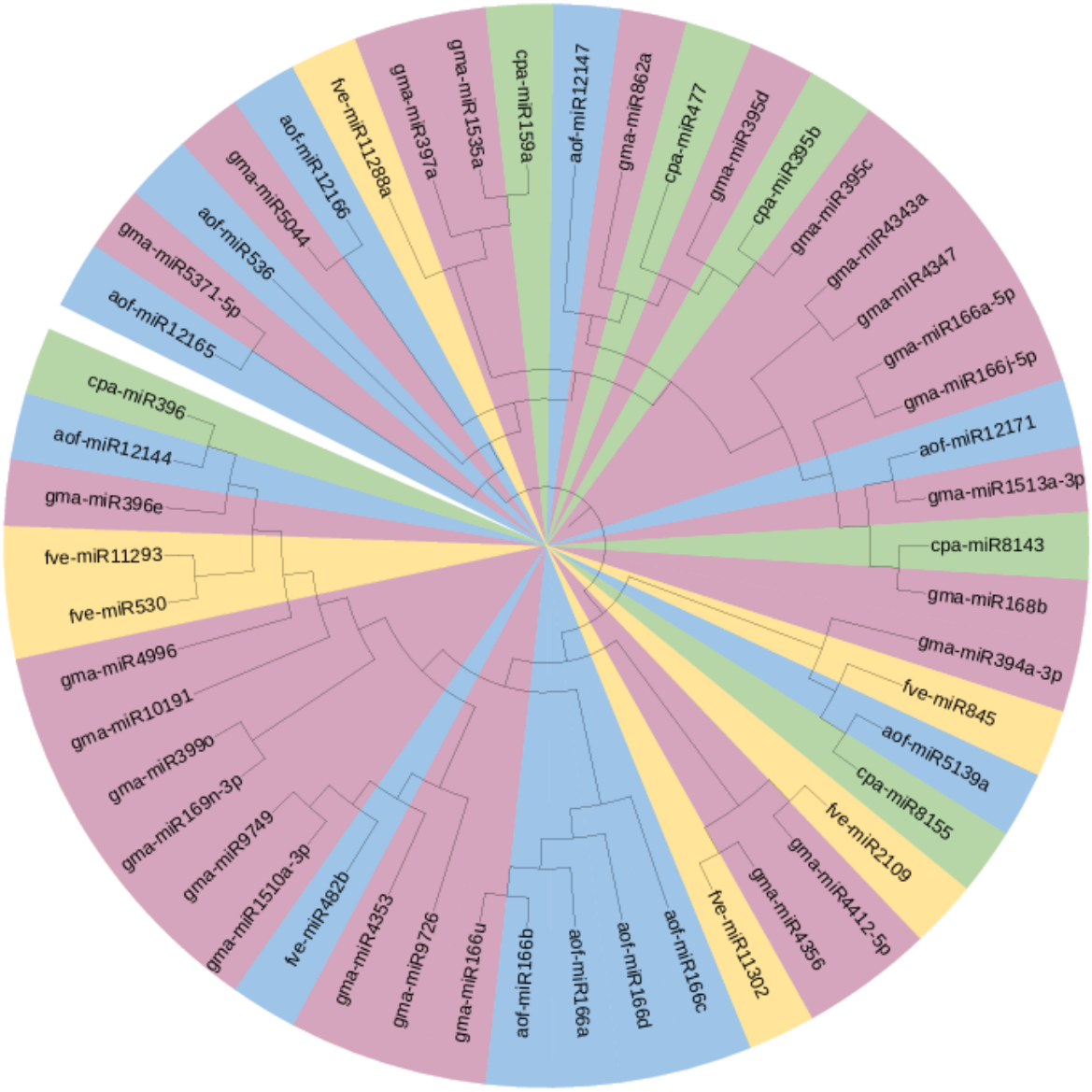
Dört farklı bitki genomunda sekonder metabolitlerde ilgili olan dokuz enzimi hedefleyen miRNA'lar arasındaki evrimsel ilişkiyi belirlemek için MEGA 11 kullanılarak filogenetik ağaçlar oluşturuldu. Tespit edilen tüm miRNA'ların, ilgili miRNA aileleriyle genel olarak yüksek dizi benzerliği gösterdiği belirlendi. Kalkon sentazı hedefleyen miRNA'lar incelendiğinde dizilerin 62 ayrı gruba ayrıldıkları görüldü. Kuşkonmaz ile soya fasulyesi, kuşkonmaz ile yabani çilek ve kuşkonmaz ile papaya miRNA'ları arasında homoloji olduğu belirlendi (Şekil 4.2). Kuşkonmaz ile soya fasulyesinde, soya ile papaya ve soya ile dağ çileği bitkilerinde kalkon izomerazı hedefleyen miRNA'lar arasında benzerlik tespit edildi (Şekil 4.3). Flavonol sentaz için soya ve kuşkonmaz ile soya ve papaya miRNA'ları arasında ve kuşkonmaz ile papaya miRNA'ları arasında yakın bir filogenetik benzerlik gözlendi (Şekil 4.4). Sinamat-4-hidroksilaz için oluşturulan filogenetik ağaçta, miRNA'ların 56 ayrı gruba ayrıldıkları görüldü. Kuşkonmaz, papaya, dağ çileği ve soya fasulyesinde bulunan ortak miRNA ailelerinin benzerlik gösterdiği belirlendi (Şekil 4.5). Fenilalanin amonya-liyaz için kuşkonmaz ve dağ çileği, dağ çileği ve papaya ile dağ çileği ve soya miRNA'ları arasında yakın bir filogenetik benzerlik gözlendi (Şekil 4.6). Aromatik L-amino asit dekarboksilaz için soya ve kuşkonmaz, kuşkonmaz ve dağ çileği, soya ve dağ çileği, papaya ve soya miRNA'ları arasında yakın bir filogenetik benzerlik gözlendi (Şekil 4.7). Troponin redüktaz I için soya ve papaya ile kuşkonmaz ve dağ çileği miRNA'ları arasında yakın bir filogenetik benzerlik gözlendi (Şekil 4.8). Kafeik asit O-metiltransferaz kuşkonmaz ve dağ çileği ile, soya ve papaya miRNA'ları arasında yakın bir filogenetik benzerlik gözlendi (Şekil 4.9). Kafeoil-CoA O-metiltransferaz için soya ve kuşkonmaz ile, papaya ve dağ çileği miRNA'ları arasında yakın bir filogenetik benzerlik gözlendi (Şekil 4.10).



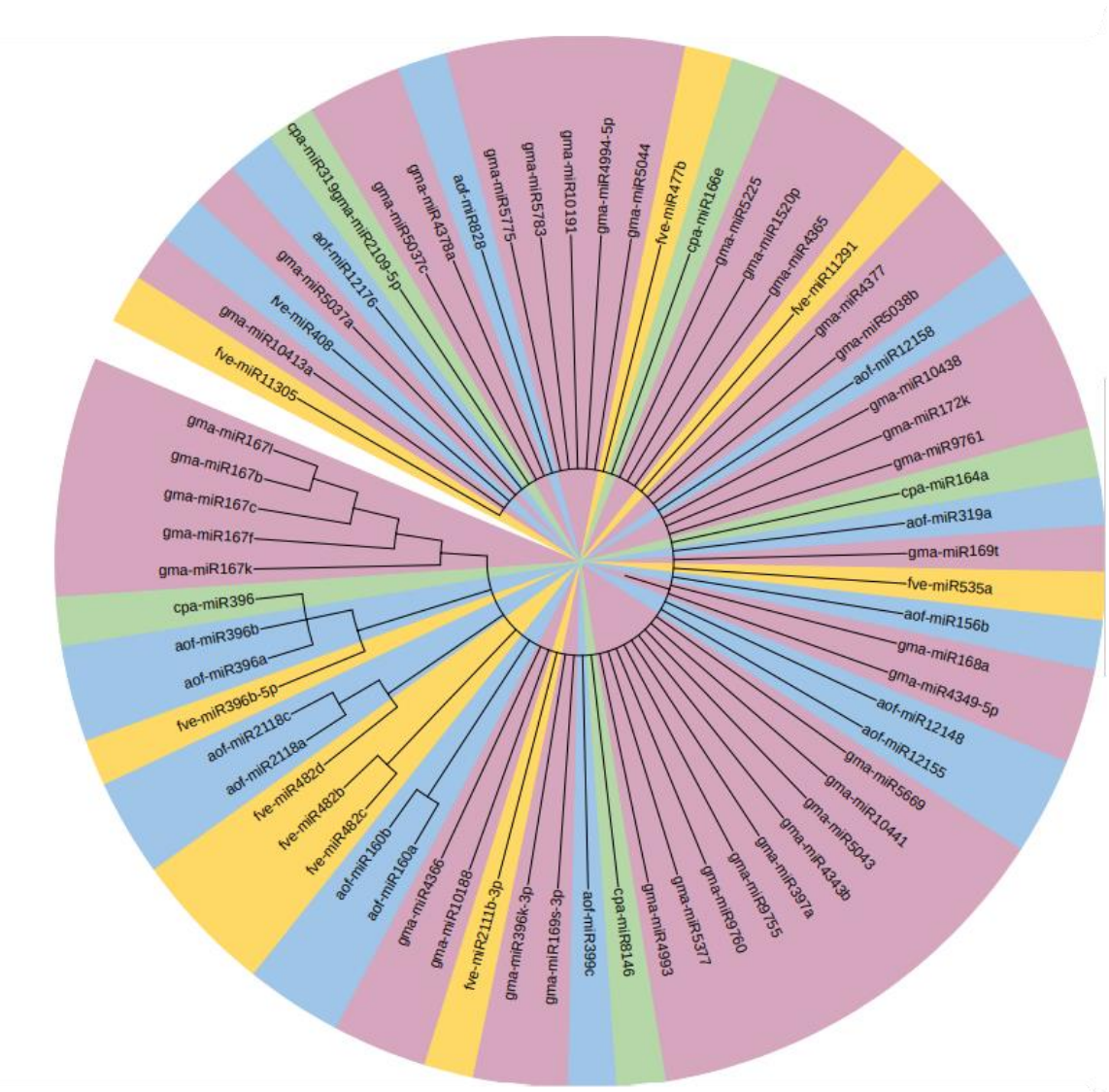
Şekil 4.2 Kalkon sentaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.



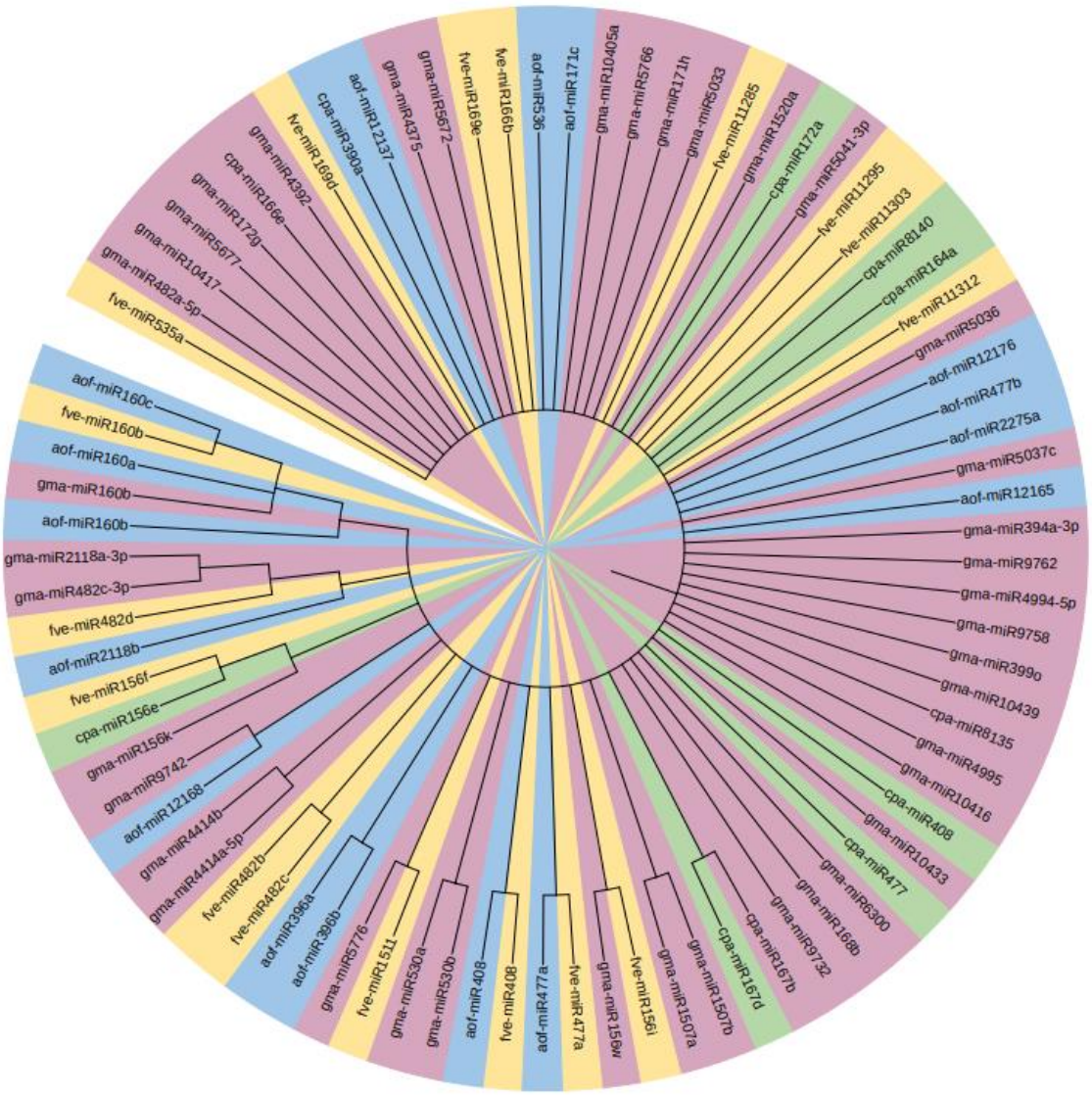
Şekil 4.3 Kalkon izomeraz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.



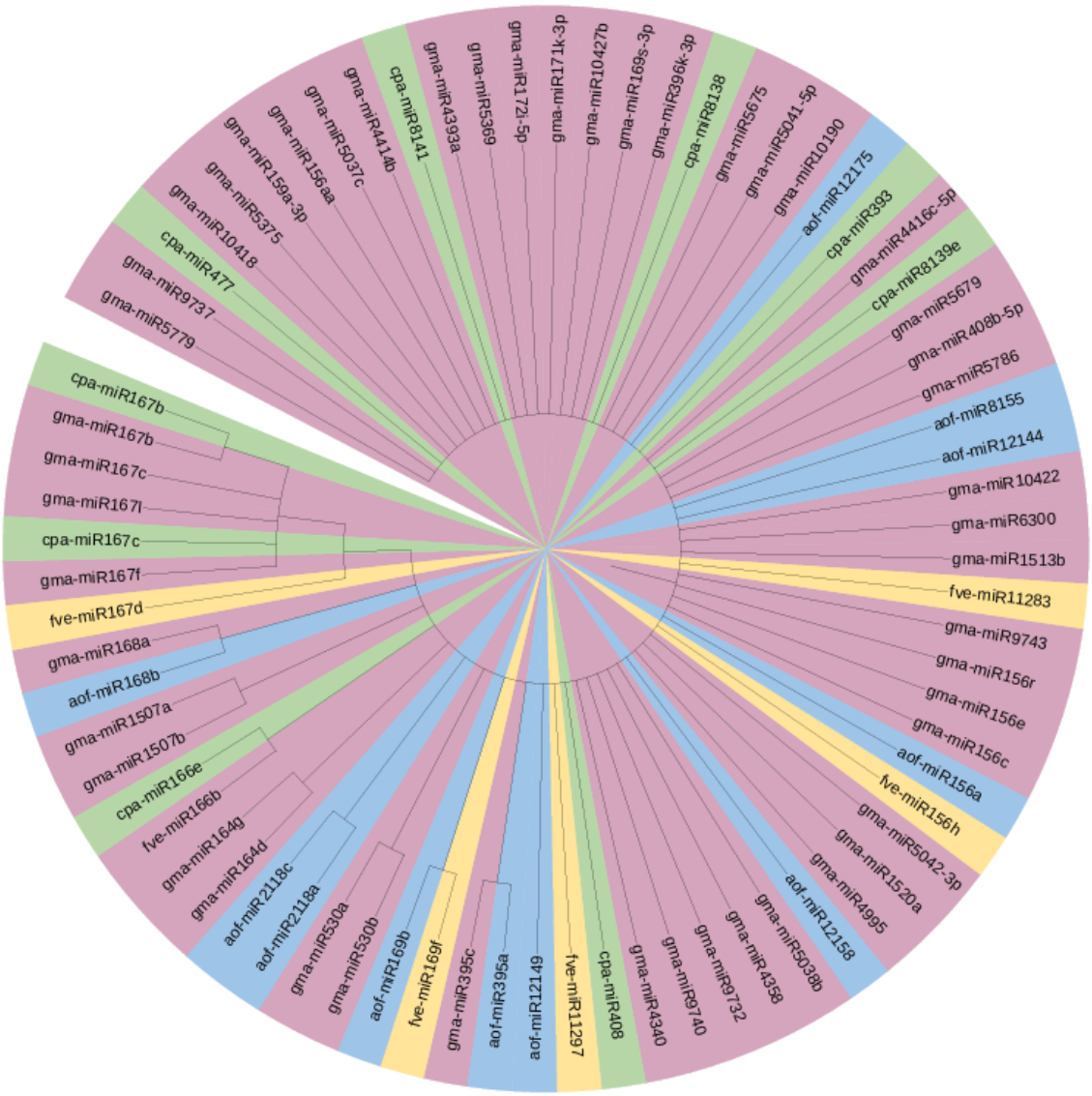
Şekil 4.4. Flavonol sentaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.



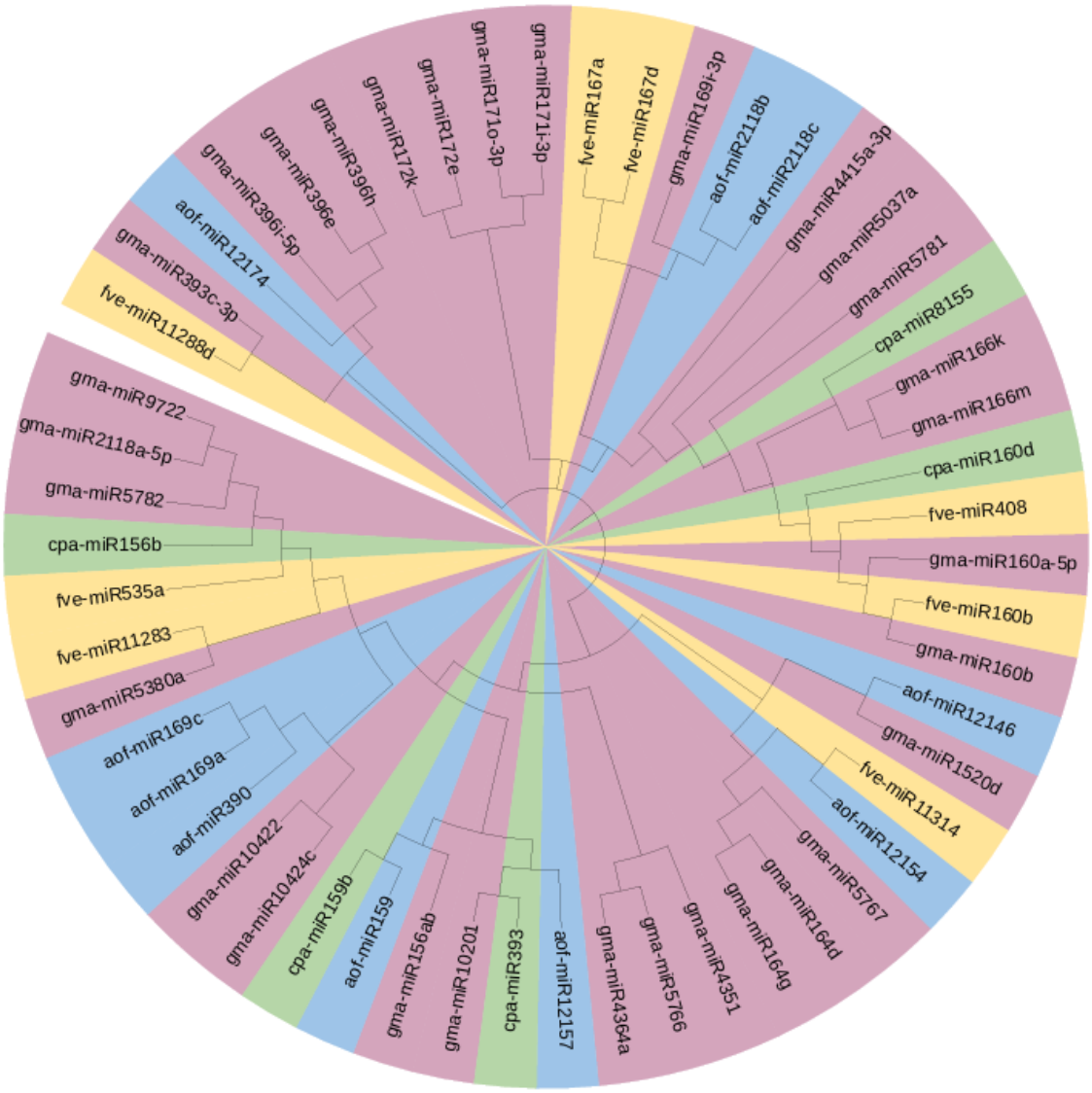
Şekil 4.5 Sinamat-4-hidroksilaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.



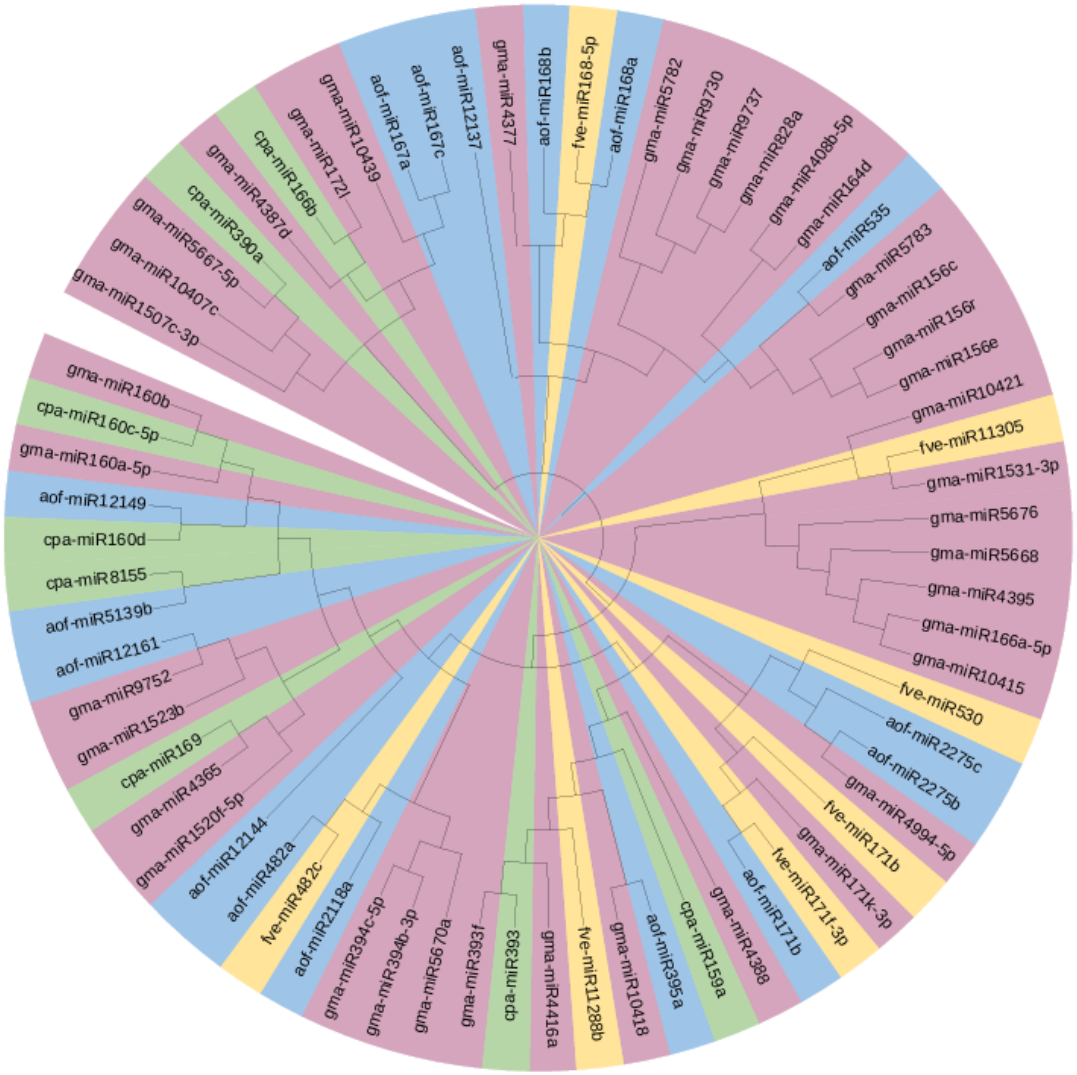
Şekil 4.6 Fenilalanin amonya-liyaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.



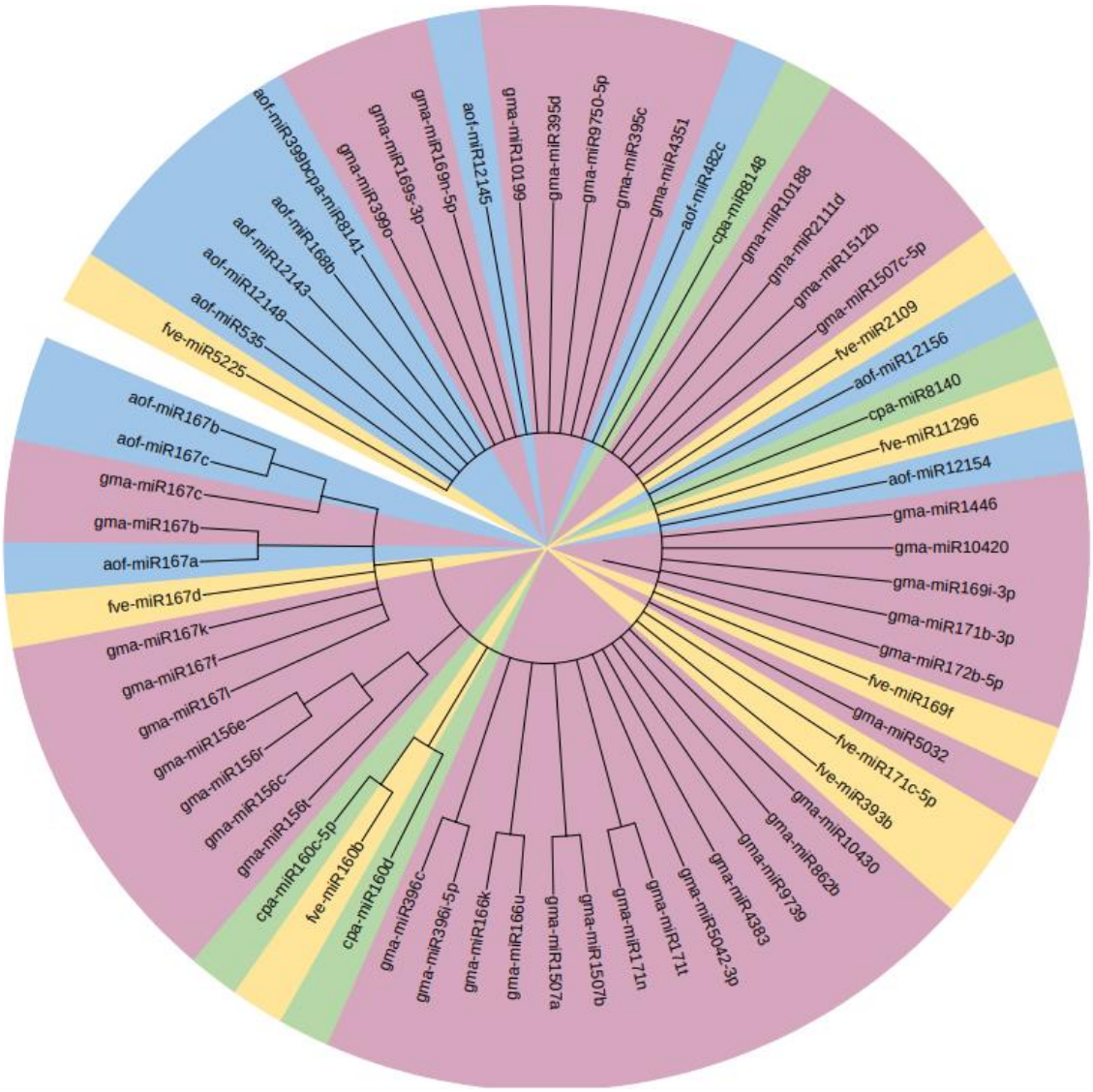
Şekil 4.7 Aromatik L-amino asit dekarboksilaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.



Şekil 4.8 Troponin redüktaz I için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.



Şekil 4.9 Kafeik asit O-metiltransferaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.



Şekil 4.10 Kafeoil – CoA O- metiltransferaz için dört farklı bitkiden elde edilen miRNA dizilerinin filogenetik analiz sonuçları. Mavi, kuşkonmaz; yeşil, papaya; sarı, dağ çileği ve pembe, soya fasulyesini göstermektedir.

5
SONUÇ

Sekonder metabolit yolaklarına müdahale edilmesi için ilgili miRNA'ların tanımlanması, metabolik yol genlerinin ve anahtar düzenleyici enzimlerin anlaşılması oldukça önemlidir. Bu amaçla gerçekleştirilen *in siliko* analizlerde kuşkonmaz, papaya, dağ çileği ve soya fasulyesi bitkilerinde ortak olarak sentezlenen metabolik enzimleri hedef alan miRNA'ların tanımlanması ve bu miRNA'lar arasındaki evrimsel ilişkinin belirlenmesi amaçlandı. Bu amaç doğrultusunda yapılan analizlerde; flavonoid, fenolik asit, alkoloid, terpenoid, kumarin ve stilben sekonder metabolitlerinin sentez yolaklarına dahil olan 36 tane enzim belirlendi. İlgili enzimleri sentezleyen ve tıbbi açıdan önemli olduğu düşünülen 118 bitki tespit edildi. Enzim ve bitkilerin belirlenmesinde KEGG yolağından faydalanıldı. Belirlenen enzim ve bitkiler içerisinden tıbbi olarak önemli kabul edilen ve en fazla sayıda ortak enzimi sentezleyen bitki ve enzimler tespit edildi. Analiz sonucunda kuşkonmaz (*Asparagus officinalis*), papaya (*Carica papaya*), dağ çileği (*Fragaria vesca*) ve soya (*Glycine max*) olmak üzere dört bitki belirlendi. Bununla birlikte; kalkon sentaz (CHS), kalkon izomeraz (CHI), flavonol sentaz (FLS), sinamat 4-hidroksilaz (C4H), fenilalanin amonya-liyaz (PAL), aromatik L-amino asit dekarboksilaz (AADC) troponin redüktaz I (TRI), kafeik asit O-metiltransferaz (COMT), kafeoil – CoA O-metiltransferaz (CCoAOMT) olmak üzere dokuz enzim ile çalışılmaya karar verildi. Kuşkonmaza (aof-miRNA) ait 100, papayaya ait 52, dağ çileğine ait 101 ve soya fasulyesine ait (gma-miRNA) 565 olgun miRNA dizisi elde edildi. CHS, CHI, FLS, C4H, PAL, AADC, TRI, COMT ve CCoAOMT enzimlerinin her biri için filogenetik ağaçlar oluşturuldu. Yapılan filogenetik analizlerde genel olarak kuşkonmaz ile dağ çileği, kuşkonmaz ile soya ve kuşkonmaz ile papaya miRNA'ları arasında yakın benzerlik tespit edildi.

Hedef genlerinin tahmininde dizi tamamlayıcılığı, bağlanma enerjisi ve dizi korunumunu baz alan RNAhybrid programı kullanıldı. miRNA'lar için öngörülen bağlanma bölgelerini değerlendirmek üzere MFE değerleri ve hedef bağlanma konumları kullanılarak oluşturulan dağılım grafiğinde, MFE değerlerinin -20 ile -37.5 kcal/mol arasında olduğu görüldü. MFE değerinin yanı sıra miRNA'ların hedef genlere bağlandığı nükleotit pozisyonlarının 0-2000 nt arasında olduğu tespit edildi. Elde edilen sonuçların literatürdeki kaynaklar ile benzerlik gösterdiği belirlendi. Bu araştırmaların birinde Yadav vd. [105] mango (*Mangifera indica* L.)

bitkisinde miRNA-hedef ilişkine yönelik çalışmış ve 18 olası miRNA tanımlanmıştır. Mango miRNA'larının MFE'sinin -26,6 ila -100,20 kcal/mol arasında değişirken ortalama 48,27 olduğu belirtilmiştir. Benzer şekilde rezene (*Foeniculum vulgare* Mill) bitkisinde yapılan bir çalışmada 40 potansiyel miRNA tanımlanmış ve miRNA'ların MFE değerleri −30,00 ile −88,40 kcal/mol arasında değişmekte olup ortalama −47,27 ± 13,87 kcal/mol olduğu rapor edilmiştir [105]. Guava (*Psidium guajava* L.) bitkisinde yapılan analizde ise 40 miRNA belirlenmiş ve MFE değerlerinin −33,1 ila −95,2 kcal/mol arasında ortalama −49,64 ± 14,39 arasında değiştiği belirtilmiştir [106]. Benzer şekilde Neem (*Azadirachta indica*) bitkisinde yapılan çalışmada da 44 potansiyel korunmuş miRNA tespit edilmiş ve MFE değerlerinin −27,60 ile −92,60 arasında ortalama −46,16 arasında olduğu belirtilmiştir [107].

Papaya ve soya fasulyesinin MFE değerleri ve miRNA hedef bağlanma konumları benzer dağılımlar göstermiştir ve MFE değerlerinin diğer iki bitkiye göre daha benzer olduğu görülmüştür. Bu sonuç papaya ve soya fasulyesinin miRNA düzenlenmesinde ortak özelliklere sahip olabileceğini ve ayrıca miRNA hedef etkileşimlerinin termodinamik kararlılıkta benzer olduğunu göstermektedir. Kuşkonmazın ise diğer bitkilere göre daha düşük MFE değerlerine sahip olduğu belirlenmiştir. miRNA için düşük MFE değerleri miRNA hedef spesifikliğini arttırdığından kuşkonmazın miRNA hedef etkileşimlerinin diğerlerine oranla daha kararlı olduğu söylenebilir. Zhang vd. [108] metazoanlar için 3853 miRNA'nın nükleotid ve termodinamik katlanma dağılım özelliklerini incelediği bir çalışmada MFE ne kadar düşük olursa, RNA'nın ikincil yapısının o kadar kararlı olduğunu göstermişlerdir. Choudhury vd. [109], *Centella asiatica* L. bitkisi üzerine yaptığı çalışmada ise düşük MFE değerlerinin miRNA hedef spesifikliğini arttırdığı sonucuna varılmıştır.

CHS enzimini hedefleyen; kuşkonmazda 9, papayada 6, dağ çileğinde 16 ve soya fasulyesinde 49 miRNA tespit edildi. CHS enzimi; flavon, flavanol, antosiyanin ve glikozitler gibi birçok flavonoid türevlerinin sentezinde öncüdür ve aynı zamanda bitki büyümesi ve gelişmesinde önemli rol oynar. Literatüre baktığımızda Li vd. [110] yer fıstığındaki (*Arachis hypogaea* L.) antosiyonin biyosentezi ile igili yaptıkları bir çalışmada CHS enzimini hedefleyen AhmiR398 miRNA'sını belirledikleri görülmüştür. Soya fasulyesinde (*Glycine max* L. Merr.) flavonoidlerin biyonsentezi için yapılan başka bir çalışmada ise CHS-siRNA'nın kalkon sentaz enzimini hedeflediği belirlenmiştir [111], [112]. miR858a'nın *A. thaliana*'da flavonoid biyosentezine dahil olan R2R3-MYB transkripsiyon faktörleri hedeflediği rapor edilmiştir [113].

Tez çalışmasında, kuşkonmazda 9, papayada 4, dağ çileğinde 5 ve soya fasulyesinde 56 tane CHI enzimini hedefleyen miRNA tespit edildi. CHI, flavonoidlerin anahtar enzimlerinden biridir. Flavonoid bileşiklerin flavanonlara dönüşümünü katalize eder [114]. CHI ile ilgili yapılan araştırmalara bakıldığında Sharma vd. [113] *A. thaliana*'da flavonoid biyosenteziyle daha önce belirtilen çalışmasında CHS'nin yanı sıra CHI enzimini de miR858a'nın hedeflediği görüldü. Yine daha önce Li vd. [110], yaptığı yer fıstığındaki CHS enzimi hedefleyen AhmiR398 miRNA'sının CHI enzimini de hedeflediğini rapor etmişlerdir. Amla (*Phyllanthus emblica* L.) bitkisinde flavonoid biyosentez yolunun mekanizmasını araştıran bir çalışmada, CHI enzimini hedefleyen miR169c-3p ve miR4248a miRNA'ları ve CHS enzimini hedefleyen miR169n-3p ve miR5053 miRNA'ları tespit edilmiştir [115]. Sun vd. [116], çay (*Camellia sinensis*) bitkisinde kateşin biyosentezini düzenleyen miRNA'ları araştırdığı diğer bir çalışmada ise miR7814'ün CHS enzimini ve miR529d'un CHI enzimini hedeflediği sonucuna varılmıştır. Ayrıca Sharma vd. [117] domates için gerçekleştirdiği bir araştırmada da CHI enziminin sly-miR319 miRNA tarafından hedeflendiği belirlenmiştir. Pamuk için yapılan bir çalışmada ise CHI enzimini hedefleyen birçok miRNA ailesi rapor edilmiştir (miR156, miR171, miR172, miR477, miR535, miR827, miR2949, miR396, miR477, miR7502, miR7489, miR7510, miR8732, miR8766) [118].

FLS enzimini hedefleyen miRNA'ların; kuşkonmazda 11, dağ çileğinde 7, papayada 6 ve soya fasulyesinde 26 tane olduğu belirlenmiştir. FLS, dihidroflavonollerin flavonollere dönüşümünü katalize eder [119]. Literatürde flavonoidlerin, antosiyaninlerin ve terpenoidlerin biyosentezi üzerinde etkili miyeloblast ve SPL proteinler gibi bazı transkripsiyon faktörlerinin miR858, miR159 ve miR156 miRNA'ları tarafından hedeflendiği rapor edilmiştir [113], [120].

Bu tezde analiz edilen diğer bir enzim de C4H'dır. C4H enzimi bitkilerde fenilpropanoid yolunun anahtar enzimidir ve aynı zamanda lignin ve flavonoidler gibi çeşitli sekonder metabolitlerin biyosentezinde önemli rolleri vardır [121]. Tezde, kuşkonmazda 14, papayada 5, dağ çileğinde 10, soya fasulyesinde 40 tane miRNA'nın C4H enzimini hedeflediği belirlendi. C4H ile ilgili yapılan çalışmalar incelendiğinde kateşin biyosentezi için C4H enzimini çay (*Camellia sinensis*) bitkisinde hedefleyen csn-miR5251 ve csn-miR7777-5P.1 miRNA'ların tespit edildiği görülmektedir [122].

PAL enzimi incelendiğinde; kuşkonmazda 16, dağ çileğinde 17, papayada 11 ve soya fasulyesinde 17 tane miRNA'nın PAL'i hedeflediği tespit edildi. PAL, L-fenilalanin'in trans-sinnamik asit ve amonyağa non-oksidatif deaminasyonunu katalize eder [123]. Singh vd. [124]

zencefildeki miRNA'ların ve hedeflerinin araştırtıldığı çalışmada miR5015'in PAL enzimini hedeflediği görülmüştür. Yapılan başka bir çalışmada çay (*Camellia sinensis*) bitkisinde miR477'nin hedefinin PAL enzimi olduğu belirlenmiştir [125]. Buğday (*Triticum aestivum* L.) bitkisinde PAL gen ailesinin genom analizinin yapıldığı diğer bir çalışmada ise PAL enzimini hedefleyen potansiyel 27 miRNA (miR9775, miR159, miR1131 vb.) tespit edilmiştir [126]. Mor patates yumrularında (*Solanum tuberosum*) antosiyanin birikimi ile ilgili miRNA'ların ve hedef genlerinin tanımlanması üzerine yapılan bir çalışmada da Wu vd. [127] tarafından, miR414 miRNA'sının PAL enzimini hedeflediği görülmüştür.

Kuşkonmazda 11, papayada 9, dağ çileğinde 6 ve soya fasulyesinde 50 tane miRNA tarafından hedeflenen AADC enzimi, çeşitli fizyolojik ve biyosentetik yolaklarda rol oynamaktadır. Bu enzim, aromatik momoaminlerin dönüşümünü katalize eder [128]. AADC ile ilgili literatür incelendiğinde bu enzimi hedefleyen miRNA'ların analiz edildiği herhangi çalışmaya rastlanmamıştır.

TRI enzimini hedefleyen miRNA'ların sayısının kuşkonmazda 10, papayada 6, dağ çileğinde 8 ve soya fasulyesinde 30 tane olduğu görüldü. TR1 enzimi, tropinonun tropine dönüşümünü katalize ederler [17]. TRI enzimini, patates (*Solanum tuberosum* L.) bitkisinde hedefleyen miRNA'ları (miRNA12, miRNA17, miRNA91, miRNA119, miRNA132) rapor edilmiştir [129].

COMT enziminin kuşkonmazda 16, papayada 8, dağ çileğinde 7 ve soya fasulyesinde 38 tane miRNA tarafından hedeflendiği tespit edildi. COMT enzimi, lignin sentezinde rol oynayan temel enzimlerden biridir. Liang vd. [130], pirinç (*Oryza sativa* L.) bitkisinde *COMT* gen ailesinin tanımlanması ve fonksiyonel analizi üzerine yaptığı çalışmada miR5071, miR2927, miR1864 ve miR5809 dizilerinin birden fazla *COMT* genini hedeflediği bildirilmiştir.

CCoAOMT enzimini hedefleyen miRNA'ların ise kuşkonmazda 12, papayada 5, dağ çileğinde 8 ve soya fasulyesinde 40 tane olduğu tespit edildi. CCoAOMT bitkilerde, lignin biyosentezinde rol oynayan oldukça önemli enzimlerden biridir [131]. CCoAOMT ile ilgili yapılan çalışmalara bakıldığında, bu enzimi Himalaya mayıs elması (*Podophyllum hexandrum*) bitkisinde miR1438 miRNA'sının hedeflediği belirtilmiştir [132]. Yapılan başka bir çalışmada ise Yang ve ekibi (2021), buğday bitkisinde yaptıkları analizde CCoAOMT enzimini hedefleyen birden fazla miRNA'nın (miR5384-5p, miR1119, miR9781, miR9667 vb.) olduğunu rapor etmiştir.

Bu tez çalışmasında; kuşkonmaz, papaya, dağ çileği ve soya fasulyesi bitkilerinde sekonder metabolitlerin üretiminde önemli rol oynayan CHS, CHI, FLS, C4H, PAL, AADC, TRI, COMT ve CCoAOMT enzimlerini hedefleyen miRNA'lar ilk defa tanımlandı ve bu miRNA'lar arasındaki ilişkiler belirlendi. Sekonder metabolit üretim yolaklarının düzenleyici mekanizmalarının araştırılması bitkilerdeki biyosentetik yollarının çeşitliliği, ve bitki ve insanlardaki biyolojik önemi göz önüne alındığında oldukça önemlidir. Ekonomik açıdan önemli sekonder metabolitlerin üretimini arttırmak, istenmeyen metbolitlerin miktarını azaltmak ayrıca terapötik faydalara sahip yeni metabolitlerin üretilmesi için miRNA'ların düzenleyici rollerine ilişkin yapılan çalışmalar gelecek için umut vadetmektedir.

KAYNAKÇA

[1]. Lacal I and Ventura R (2018) Epigenetic Inheritance: Concepts, Mechanisms and Perspectives. *Frontiers in Molecular Neuroscience*. 11:292. doi: 10.3389/fnmol.2018.00292

[2]. Al Aboud, N. M., Tupper, C., & Jialal, I. (2023). Genetics, Epigenetic Mechanism. In *StatPearls*. StatPearls Publishing.

[3]. Tikhodeyev O. N. (2018). The mechanisms of epigenetic inheritance: how diverse are they?. *Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society*, *93*(4), 1987–2005. https://doi.org/10.1111/brv.12429

[4]. Fitz-James, M. H., & Cavalli, G. (2022). Molecular mechanisms of transgenerational epigenetic inheritance. *Nature Reviews. Genetics*, *23*(6), 325–341. https://doi.org/10.1038/s41576-021-00438-5

[5]. Treiber, T., Treiber, N., & Meister, G. (2019). Regulation of microRNA biogenesis and its crosstalk with other cellular pathways. *Nature Reviews. Molecular cell biology*, *20*(1), 5–20. https://doi.org/10.1038/s41580-018-0059-1

[6]. Djami-Tchatchou, A. T., Sanan-Mishra, N., Ntushelo, K., & Dubery, I. A. (2017). Functional Roles of microRNAs in Agronomically Important Plants-Potential as Targets for Crop Improvement and Protection. *Frontiers in Plant Science*, 8, 378. https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00378

[7]. Zhang, L., Xiang, Y., Chen, S., Shi, M., Jiang, X., He, Z., & Gao, S. (2022). Mechanisms of MicroRNA Biogenesis and Stability Control in Plants. *Frontiers in Plant Science*, 13, 844149. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.844149

[8]. Twaij, B. M., & Hasan, Md. N. (2022). Bioactive Secondary Metabolites from Plant Sources: Types, Synthesis, and Their Therapeutic Uses. *International Journal of Plant Biology*, 13(1), 4–14. https://doi.org/10.3390/ijpb13010003

[9]. Erb, M., & Kliebenstein, D. J. (2020). Plant Secondary Metabolites as Defenses, Regulators, and Primary Metabolites: The Blurred Functional Trichotomy. *Plant Physiology*, 184(1), 39–52. https://doi.org/10.1104/pp.20.00433

[10]. Gupta, O. P., Karkute, S. G., Banerjee, S., Meena, N. L., & Dahuja, A. (2017). Contemporary Understanding of miRNA-Based Regulation of Secondary

Metabolites Biosynthesis in Plants. *Frontiers in Plant Science*, 8, 374. https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00374

[11]. Sabzehzari, M., & Naghavi, M. R. (2019). Phyto-miRNAs-based regulation of metabolites biosynthesis in medicinal plants. *Gene*, 682, 13–24. https://doi.org/10.1016/j.gene.2018.09.049

[12]. Pandith, S. A., Ramazan, S., Khan, M. I., Reshi, Z. A., & Jan, N. (2020). Chalcone synthases (CHSs): the symbolic type III polyketide synthases. *Planta, 251(15).* https://doi.org/10.1007/s00425-019-03307-y

[13]. Dastmalchi, M., & Dhaubhadel, S. (2015). Soybean chalcone isomerase: evolution of the fold, and the differential expression and localization of the gene family. *Planta*, *241*(2), 507–523. https://doi.org/10.1007/s00425-014-2200-5

[14]. Cheng, A., Han, X., Wu, Y., & Lou, H. (2013). The Function and Catalysis of 2-Oxoglutarate-Dependent Oxygenases Involved in Plant Flavonoid Biosynthesis. *International Journal of Molecular Sciences*, *15*(1), 1080-1095. https://doi.org/10.3390/ijms15011080

[15]. Shan, B., Mo, J., Yang, J., Qin, X., & Yu, H. (2024). Cloning and functional characterization of a cinnamate 4-hydroxylase gene from the hornwort Anthoceros angustus. *Plant Science*, *341*, 111989. https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2024.111989

[16]. Liu, A., Wang, Y., Wang, T., Zhu, Y., Wu, P., & Li, L. (2023). Comparative metabolomic profiling of secondary metabolites in different tissues of Euryale ferox and functional characterization of phenylalanine ammonia-lyase. *Industrial Crops and Products*, *195*, 116450. https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2023.116450

[17]. Hu, X., Liu, W., Yan, Y., Deng, H., & Cai, Y. (2023). Tropinone reductase: A comprehensive review on its role as the key enzyme in tropane alkaloids biosynthesis. *International Journal of Biological Macromolecules*, *253*(Pt 7), 127377. https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2023.127377

[18]. Song, S., Chen, A., Zhu, J., Yan, Z., An, Q., Zhou, J., Liao, H., & Yu, Y. (2021). Structure basis of the caffeic acid O-methyltransferase from Ligusiticum chuanxiong to understand its selective mechanism. *International Journal of Biological Macromolecules*, 194, 317-330. https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2021.11.135

[19]. Chitrakar, B., Zhang, M., & Adhikari, B. (2019). Asparagus (Asparagus officinalis): Processing effect on nutritional and phytochemical composition of spear and hard-stem byproducts. *Trends in Food Science & Technology*, 93, 1-11. https://doi.org/10.1016/j.tifs.2019.08.020

[20]. Moreno-Pinel, R., Castro-López, P., Die-Ramón, J.V., Gil-Ligero, J. (2021). Asparagus (Asparagus officinalis L.) Breeding. In: Al-Khayri, J.M., Jain, S.M., Johnson, D.V. (eds) *Advances in Plant Breeding Strategies: Vegetable Crops*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-66961-4_12

[21]. FAOSTAT, 2023, Production quantities of Asparagus by country. Accessed via https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize on January 3 th, 2024.

[22]. Pegiou, E., Mumm, R., Acharya, P., de Vos, R. C. H., & Hall, R. D. (2019). Green and White Asparagus *(Asparagus officinalis)*: A Source of Developmental, Chemical and Urinary Intrigue. *Metabolites*, *10*(1), 17. https://doi.org/10.3390/metabo10010017

[23]. USDA Food and Nutrient Database for Dietary Studies 2019-2020. Food Surveys Research Group Home Page, http://www.ars.usda.gov/nea/bhnrc/fsrg

[24]. Vázquez-Castilla, S., Jaramillo-Carmona, S., Fuentes-Alventosa, J. M., Jiménez-Araujo, A., Rodriguez-Arcos, R., Cermeño-Sacristán, P., Espejo-Calvo, J. A., & Guillén-Bejarano, R. (2013). Optimization of a method for the profiling and quantification of saponins in different green asparagus genotypes. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *61*(26), 6250–6258. https://doi.org/10.1021/jf401462w

[25]. Fuentes-Alventosa, J. M., Jaramillo-Carmona, S., Rodríguez-Gutiérrez, G., Guillén-Bejarano, R., Jiménez-Araujo, A., Fernández-Bolaños, J., & Rodríguez-Arcos, R. (2013). Preparation of bioactive extracts from asparagus by-product. *Food and Bioproducts Processing*, 91(2), 74–82. doi:10.1016/j.fbp.2012.12.004

[26]. Sun, T., Powers, J. R., & Tang, J. (2007). Loss of rutin and antioxidant activity of asparagus juice caused by a pectolytic enzyme preparation from Aspergillus niger. *Food Chemistry*, 105(1), 173-178. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2007.03.062

[27]. Chitrakar, B., Hou, Y., Devahastin, S., Zhang, M., & Sang, Y. (2023). Protocols for extraction and purification of rutin from leafy by-products of asparagus

(Asparagus officinalis) and characterization of the purified product. *Food Chemistry*, *418*, 136014. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2023.136014

[28]. Cheng, Q., Zeng, L., Wen, H., et al. (2023). Steroidal saponin profiles and their key genes for synthesis and regulation in Asparagus officinalis L. by joint analysis of metabolomics and transcriptomics. *BioMed Central Plant Biology*, 23(1), 207. https://doi.org/10.1186/s12870-023-04222-x

[29]. Chen, J., Zheng, Y., Qin, L., & et al. (2016). Identification of miRNAs and their targets through high-throughput sequencing and degradome analysis in male and female *Asparagus officinalis*. *BioMed Central Plant Biology, 16*(80). https://doi.org/10.1186/s12870-016-0770-z

[30]. Li, S. F., Zhang, G. J., Zhang, X. J., & et al. (2017). Comparative transcriptome analysis reveals differentially expressed genes associated with sex expression in garden asparagus (Asparagus officinalis). *BioMed Central Plant Biology*, 17(143). https://doi.org/10.1186/s12870-017-1091-6

[31]. Yogiraj, V., Goyal, P. K., Chauhan, C. S., Goyal, A., & Vyas, B. (2014). Carica papaya Linn: An overview. *International Journal of Herbal Medicine, 2*(5), 01-08.

[32]. Ming, R., Hou, S., Feng, Y., Yu, Q., Saw, J. H., Senin, P., Wang, W., Ly, B. V., Lewis, K. L., Salzberg, S. L., Feng, L., Jones, M. R., Skelton, R. L., Murray, J. E., Chen, C., Qian, W., Shen, J., Du, P., Eustice, M., . . . Alam, M. (2008). The draft genome of the transgenic tropical fruit tree papaya (Carica papaya Linnaeus). *Nature*, *452*(7190), 991-996. https://doi.org/10.1038/nature06856

[33]. Liao, Z., Zhang, X., Zhang, S., Lin, Z., Zhang, X., & Ming, R. (2021). Structural variations in papaya genomes. *Biomed Central Genomics*, *22*(1), 335. https://doi.org/10.1186/s12864-021-07665-4

[34]. AtlasBig. (2023). Countries by papaya production. Retrieved January 5, 2024, from https://www.atlasbig.com/en-us/countries-papaya-production

[35]. Patil, P., Alagarasu, K., Chowdhury, D., Kakade, M., Cherian, S., Kaushik, S., Yadav, J. P., Kaushik, S., & Parashar, D. (2022). *In-vitro* antiviral activity of *Carica papaya* formulations against dengue virus type 2 and chikungunya viruses. *Heliyon*, *8*(12), e11879. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11879

[36]. Wall, M.M. (2006). Ascorbic acid, vitamin A, and mineral composition of banana (Musa sp.) and papaya (Carica papaya) cultivars grown in Hawaii. *Journal*

of Food Composition and Analysis, 19(5), 434-445. https://doi.org/10.1016/j.jfca.2006.01.002

[37]. Dotto, J.M., & Abihudi, S.A. (2021). Nutraceutical value of Carica papaya: A review. *Scientific African*, 13, e00933. https://doi.org/10.1016/j.sciaf.2021.e00933.

[38]. Ugo, N.J., Ade, A.R., & Joy, A.T. (2019). Nutrient Composition of Carica Papaya Leaves Extracts. *Journal of Food Science and Nutrition Research*, 2 (2019): 274-282.

[39]. Alara, O.R., Abdurahman, N.H. & Alara, J.A. Carica papaya: comprehensive overview of the nutritional values, phytochemicals and pharmacological activities. *ADV TRADIT MED (ADTM)* 22, 17–47 (2022). https://doi.org/10.1007/s13596-020-00481-3

[40]. Jha, N., Mangukia, N., Patel, M. P., Bhavsar, M., Gadhavi, H., Rawal, R. M., & Patel, S. K. (2021). Exploring the MiRnome of Carica papaya: A cross kingdom approach. *Gene Reports*, 23, 101089. https://doi.org/10.1016/j.genrep.2021.101089

[41]. Jha, N., Mangukia, N., Gadhavi, H., Patel, M., Bhavsar, M., Rawal, R., & Patel, S. (2022). Small RNA sequencing and identification of papaya (Carica papaya L.) miRNAs with potential cross-kingdom human gene targets. *Molecular Genetics and Genomics : MGG*, *297*(4), 981–997. https://doi.org/10.1007/s00438-022-01904-3

[42]. Patil BL and Tripathi S (2024) Differential expression of microRNAs in response to Papaya ringspot virus infection in differentially responding genotypes of papaya (Carica papaya L.) and its wild relative. *Frontiers in Plant Science* 15:1398437. doi: 10.3389/fpls.2024.1398437

[43]. Shulaev, V., Sargent, D. J., Crowhurst, R. N., Mockler, T. C., Folkerts, O., Delcher, A. L., Jaiswal, P., Mockaitis, K., Liston, A., Mane, S. P., Burns, P., Davis, T. M., Slovin, J. P., Bassil, N., Hellens, R. P., Evans, C., Harkins, T., Kodira, C., Desany, B., Crasta, O. R., … Folta, K. M. (2011). The genome of woodland strawberry (Fragaria vesca). *Nature Genetics*, *43*(2), 109–116. https://doi.org/10.1038/ng.740

[44]. Liston, A., Cronn, R., & Ashman, T. L. (2014). Fragaria: a genus with deep historical roots and ripe for evolutionary and ecological insights. *American Journal of Botany*, *101*(10), 1686–1699. https://doi.org/10.3732/ajb.1400140

[45]. AtlasBig. (2023). Countries by strawberry production. Retrieved November 13, 2023, from https://www.atlasbig.com/en-us/countries-strawberry-production

[46]. Newerli-Guz, J., Śmiechowska, M., Drzewiecka, A., & Tylingo, R. (2023). Bioactive Ingredients with Health-Promoting Properties of Strawberry Fruit (*Fragaria* x *ananassa* Duchesne). *Molecules (Basel, Switzerland)*, *28*(6), 2711. https://doi.org/10.3390/molecules28062711

[47]. Roy, S., Wu, B., Liu, W., & Archbold, D. D. (2018). Comparative analyses of polyphenolic composition of Fragaria spp. color mutants. *Plant Physiology and Biochemistry : PPB*, *125*, 255–261. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2018.02.003

[48]. Han Y, Chen G, Zhou H, Zhang Q, Qin L, Xing Y. Identification of novel and conserved microRNAs involved in fruit development and ripening in Fragaria vesca. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*, 2019;88(2):3611. https://doi.org/10.5586/asbp.3611

[49]. Zheng, G., Wei, W., Li, Y., Kan, L., Wang, F., Zhang, X., Li, F., Liu, Z., & Kang, C. (2019). Conserved and novel roles of miR164-CUC2 regulatory module in specifying leaf and floral organ morphology in strawberry. *The New Phytologist*, *224*(1), 480–492. https://doi.org/10.1111/nph.15982

[50]. Jin-Song Xiong, Dan Zheng, Hong-Yu Zhu, Jian-Qiu Chen, Ran Na, and Zong-Ming Cheng. 2018. Genome-wide identification and expression analysis of the SPL gene family in woodland strawberry Fragaria vesca. *Genome*. 61(9): 675-683. https://doi.org/10.1139/gen-2018-0014

[51]. Agarwal, D.K., Billore, S.D., Sharma, A.N., et al. (2013). Soybean: Introduction, Improvement, and Utilization in India—Problems and Prospects. *Agricultural Research*, 2, 293–300. https://doi.org/10.1007/s40003-013-0088-0

[52]. Pratap, A., Gupta, S. K., Kumar, J., & Solanki, R. K. (2011). *Soybean. Technological Innovations in Major World Oil Crops, Volume 1, 293–321*. doi:10.1007/978-1-4614-0356-2_12

[53]. Cober, E. R., Cianzio, S. R., Pantalone, V. R., & Rajcan, I. (2009). *Soybean. Oil Crops*, 57–90. doi:10.1007/978-0-387-77594-4_3

[54]. U.S. Department of Agriculture. (2023, August 2). Soybean Explorer. Retrieved from https://ipad.fas.usda.gov/cropexplorer/cropview/commodityView.aspx?cropid=2222000

[55]. Liu, S., Zhang, M., Feng, F., & Tian, Z. (2020). Toward a “Green Revolution” for Soybean. *Molecular Plant*, 13(5), 688–697. doi:10.1016/j.molp.2020.03.002

[56]. Arjoune, Y., Sugunaraj, N., Peri, S., Nair, S. V., Skurdal, A., Ranganathan, P., & Johnson, B. (2022). Soybean cyst nematode detection and management: a review. *Plant Methods*, *18*(1), 110. https://doi.org/10.1186/s13007-022-00933-8

[57]. Amoanimaa-Dede, H., Su, C., Yeboah, A., Zhou, H., Zheng, D., & Zhu, H. (2022). Growth regulators promote soybean productivity: A review. *PeerJ*, *10*. https://doi.org/10.7717/peerj.12556

[58]. Yue, Z., He, S., Wang, J., Jiang, Q., Wang, H., Wu, J., Li, C., Wang, Z., He, X., & Jia, N. (2023). Glyceollins from soybean: Their pharmacological effects and biosynthetic pathways. *Heliyon*, *9*(11), e21874. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e21874

[59]. Hu, Y., Liu, Y., Wei, J. J., Zhang, W. K., Chen, S. Y., & Zhang, J. S. (2023). Regulation of seed traits in soybean. *aBIOTECH*, *4*(4), 372–385. https://doi.org/10.1007/s42994-023-00122-8

[60]. Hsieh, C. C., Hernández-Ledesma, B., Jeong, H. J., Park, J. H., & de Lumen, B. O. (2010). Complementary roles in cancer prevention: protease inhibitor makes the cancer preventive peptide lunasin bioavailable. *Plos One*, *5*(1), e8890. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0008890

[61]. Fernández-Tomé, S., & Hernández-Ledesma, B. (2019). Current state of art after twenty years of the discovery of bioactive peptide lunasin. *Food Research İnternational (Ottawa, Ont.)*, *116*, 71–78. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2018.12.029

[62]. Li, C., Nong, W., Zhao, S. et al. Differential microRNA expression, microRNA arm switching, and microRNA:long noncoding RNA interaction in response to salinity stress in soybean. Biomed *Central Genomics* 23, 65 (2022). https://doi.org/10.1186/s12864-022-08308-y

[63]. Kuczyński, J., Gracz-Bernaciak, J., Twardowski, T., Karłowski, W. M., & Tyczewska, A. (2022). Cold stress-induced miRNA and degradome changes in four soybean varieties differing in chilling resistance. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 208(6), 777-794. https://doi.org/10.1111/jac.12557

[64]. Wang, R., Yang, Z., Fei, Y., Feng, J., Zhu, H., Huang, F., Zhang, H., & Huang, J. (2019). Construction and analysis of degradome-dependent microRNA regulatory networks in soybean. *BioMed Central Genomics*, *20*(1), 534. https://doi.org/10.1186/s12864-019-5879-7

[65]. Patra, B., Schluttenhofer, C., Wu, Y., Pattanaik, S., & Yuan, L. (2013). Transcriptional regulation of secondary metabolite biosynthesis in plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms*, *1829*(11), 1236-1247. https://doi.org/10.1016/j.bbagrm.2013.09.006

[66]. Thakur, M., Bhattacharya, S., Khosla, P. K., & Puri, S. (2019). Improving production of plant secondary metabolites through biotic and abiotic elicitation. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*, *12*, 1-12. https://doi.org/10.1016/j.jarmap.2018.11.004

[67]. Khare, S., Singh, N.B., Singh, A., et al. (2020). Plant secondary metabolites synthesis and their regulations under biotic and abiotic constraints. *Journal of Plant Biology*, 63(2), 203–216. https://doi.org/10.1007/s12374-020-09245-7

[68]. Pang, Z., Chen, J., Wang, T., Gao, C., Li, Z., Guo, L., Xu, J., & Cheng, Y. (2021). Linking Plant Secondary Metabolites and Plant Microbiomes: A Review. *Frontiers in Plant Science*, *12*, 621276. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.621276

[69]. Guerriero, G., Berni, R., Armando, J., Apone, F., M., E., Qahtan, A. A., Alatar, A. A., Cantini, C., Cai, G., Hausman, J., Siddiqui, K. S., Teresa, S. M., & Faisal, M. (2018). Production of Plant Secondary Metabolites: Examples, Tips and Suggestions for Biotechnologists. *Genes*, *9*(6), 309. https://doi.org/10.3390/genes9060309

[70]. Gallardo, E., & Seca, A. M. (2021). Secondary Metabolites and Their Applications. *Applied Sciences*, *12*(5), 2317. https://doi.org/10.3390/app12052317

[71]. Qaderi, M. M., Martel, A. B., & Strugnell, C. A. (2022). Environmental Factors Regulate Plant Secondary Metabolites. *Plants*, *12*(3), 447. https://doi.org/10.3390/plants12030447

[72]. Kumar, S., Abedin, M.M., Singh, A.K., Das, S. (2020). Role of Phenolic Compounds in Plant-Defensive Mechanisms. In: Lone, R., Shuab, R., Kamili, A. (eds) *Plant Phenolics in Sustainable Agriculture* . Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-15-4890-1_22

[73]. Gutiérrez-Grijalva, E. P., López-Martínez, L. X., Contreras-Angulo, L. A., Elizalde-Romero, C. A., & Heredia, J. B. (2020). Plant Alkaloids: Structures and Bioactive Properties. *Plant-Derived Bioactives*, 85–117. doi:10.1007/978-981-15-2361-8_5

[74]. Kamarul Zaman, M. A., & Mohamad Azzeme, A. * (2019). Plant toxins: Alkaloids and their toxicities. *GSC Biological and Pharmaceutical Sciences*, e-ISSN: 2581-3250.

[75]. Bartel D. P. (2009). MicroRNAs: target recognition and regulatory functions. *Cell*, *136*(2), 215–233. https://doi.org/10.1016/j.cell.2009.01.002

[76]. Ye, J., Xu, M., Tian, X., Cai, S., & Zeng, S. (2019). Research advances in the detection of miRNA. *Journal of Pharmaceutical Analysis*, *9*(4), 217–226. https://doi.org/10.1016/j.jpha.2019.05.004

[77]. Lee, Y., Jeon, K., Lee, J. T., Kim, S., & Kim, V. N. (2002). MicroRNA maturation: stepwise processing and subcellular localization. *The EMBO journal*, *21*(17), 4663–4670. https://doi.org/10.1093/emboj/cdf476

[78]. Correia de Sousa, M., Gjorgjieva, M., Dolicka, D., Sobolewski, C., & Foti, M. (2019). Deciphering miRNAs' Action through miRNA Editing. *International Journal of Molecular Sciences*, *20*(24), 6249. https://doi.org/10.3390/ijms20246249

[79]. Samynathan R, Venkidasamy B, Shanmugam A, Ramalingam S and Thiruvengadam M (2023) Functional role of microRNA in the regulation of biotic and abiotic stress in agronomic plants. *Frontiers in Genetic* 14:1272446. doi: 10.3389/fgene.2023.1272446

[80]. Li, Z., Xu, R., & Li, N. (2018). MicroRNAs from plants to animals, do they define a new messenger for communication?. *Nutrition & Metabolism*, *15*, 68. https://doi.org/10.1186/s12986-018-0305-8

[81]. Kim V. N. (2005). MicroRNA biogenesis: coordinated cropping and dicing. *Nature reviews. Molecular Cell Biology*, *6*(5), 376–385. https://doi.org/10.1038/nrm1644

[82]. Bologna, N. G., Schapire, A. L., & Palatnik, J. F. (2013). Processing of plant microRNA precursors. *Briefings İn Functional Genomics*, *12*(1), 37–45. https://doi.org/10.1093/bfgp/els050

[83]. Kobayashi, H., & Tomari, Y. (2016). RISC assembly: Coordination between small RNAs and Argonaute proteins. *Biochimica et Biophysica Acta*, *1859*(1), 71–81. https://doi.org/10.1016/j.bbagrm.2015.08.007

[84]. Lao, T. D., & Le, T. A. (2020). MicroRNAs: Biogenesis, Functions and Potential Biomarkers for Early Screening, Prognosis and Therapeutic Molecular Monitoring

of Nasopharyngeal Carcinoma. *Processes*, *8*(8), 966. https://doi.org/10.3390/pr8080966

[85]. Sundaram, G. M. (2019). Dietary non-coding RNAs from plants: Fairy tale or treasure? *Non-Coding RNA Research*, *4*(2), 63-68. https://doi.org/10.1016/j.ncrna.2019.02.002

[86]. Kumar, S., Sharma, N., Sopory, S. K., & Sanan-Mishra, N. (2024). MiRNAs and genes as molecular regulators of rice grain morphology and yield. *Plant Physiology and Biochemistry*, *207*, 108363. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2024.108363

[87]. Jin X, Wang Z, Li X, Ai Q, Wong DCJ, Zhang F, Yang J, Zhang N and Si H (2024) Current perspectives of lncRNAs in abiotic and biotic stress tolerance in plants. *Frontiers in Plant Science*. 14:1334620. doi: 10.3389/fpls.2023.1334620

[88]. Lv, H., Li, J., Wu, Y., Garyali, S., & Wang, Y. (2016). Transporter and its engineering for secondary metabolites. *Applied Microbiology and Biotechnology*, *100*(14), 6119–6130. https://doi.org/10.1007/s00253-016-7605-6

[89]. Debnath, B., Singh, W. S., Das, M., Goswami, S., Singh, M. K., Maiti, D., & Manna, K. (2018). Role of plant alkaloids on human health: A review of biological activities. *Materials Today Chemistry*, *9*, 56-72. https://doi.org/10.1016/j.mtchem.2018.05.001

[90]. Hao, D. C., Yang, L., Xiao, P. G., & Liu, M. (2012). Identification of Taxus microRNAs and their targets with high-throughput sequencing and degradome analysis. *Physiologia Plantarum*, *146*(4), 388–403. https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.2012.01668.x

[91]. Boke, H., Ozhuner, E., Turktas, M., Parmaksiz, I., Ozcan, S., & Unver, T. (2015). Regulation of the alkaloid biosynthesis by miRNA in opium poppy. *Plant Biotechnology Journal*, *13*(3), 409-420. https://doi.org/10.1111/pbi.12346

[92]. Mao, Y. B., Liu, Y. Q., Chen, D. Y., Chen, F. Y., Fang, X., Hong, G. J., Wang, L. J., Wang, J. W., & Chen, X. Y. (2017). Jasmonate response decay and defense metabolite accumulation contributes to age-regulated dynamics of plant insect resistance. *Nature Communications*, *8*, 13925. https://doi.org/10.1038/ncomms13925

[93]. Sobhani Najafabadi, A., & Naghavi, M. R. (2018). Mining Ferula gummosa transcriptome to identify miRNAs involved in the regulation and biosynthesis of terpenes. *Gene*, *645*, 41-47. https://doi.org/10.1016/j.gene.2017.12.035

[94]. Srivastava, S., Sanchita, Singh, R., Srivastava, G., & Sharma, A. (2018). Comparative Study of Withanolide Biosynthesis-Related miRNAs in Root and Leaf Tissues of Withania somnifera. *Applied Biochemistry And Biotechnology*, *185*(4), 1145–1159. https://doi.org/10.1007/s12010-018-2702-x

[95]. Ding, Y., Mao, Y., Cen, Y., Hu, L., Su, Y., Ma, X., Long, L., Hu, H., Hao, C., & Luo, J. (2021). Small RNA sequencing reveals various microRNAs involved in piperine biosynthesis in black pepper (Piper nigrum L.). *BioMed Central Genomics*, *22*(1), 838. https://doi.org/10.1186/s12864-021-08154-4

[96]. Na, G., Mu, X., Grabowski, P., Schmutz, J., & Lu, C. (2019). Enhancing microRNA167A expression in seed decreases the α-linolenic acid content and increases seed size in Camelina sativa. *The Plant Journal*, *98*(2), 346-358. https://doi.org/10.1111/tpj.14223

[97]. Tirumalai, V., Swetha, C., Nair, A., Pandit, A., & Shivaprasad, P. V. (2019). MiR828 and miR858 regulate VvMYB114 to promote anthocyanin and flavonol accumulation in grapes. *Journal of Experimental Botany*, *70*(18), 4775-4792. https://doi.org/10.1093/jxb/erz264

[98]. Kozomara, A., Birgaoanu, M., & Griffiths-Jones, S. (2019). miRBase: from microRNA sequences to function. *Nucleic Acids Research*, *47*(D1), D155–D162. https://doi.org/10.1093/nar/gky1141

[99]. Krüger, J., & Rehmsmeier, M. (2006). RNAhybrid: microRNA target prediction easy, fast and flexible. *Nucleic Acids Research*, *34*(Web Server issue), W451–W454. https://doi.org/10.1093/nar/gkl243

[100]. Betancourt, R., Chen, S. (2019). pandas Library. In: Python for SAS Users. Apress, Berkeley, CA. https://doi.org/10.1007/978-1-4842-5001-3_3

[101]. Cao, S., Zeng, Y., Yang, S., & Cao, S. (2021). Research on Python Data Visualization Technology. *Journal of Physics: Conference Series, 1757*.

[102]. Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology And Evolution*, *38*(7), 3022-3027.

[103]. Letunic, I., & Bork, P. (2024). Interactive Tree of Life (iTOL) v6: recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool. *Nucleic Acids Research, 52*(W1), W78–W82. https://doi.org/10.1093/nar/gkae268

[104]. Yadav, A. K., Nigam, D., Gautam, B., & Mishra, A. (2021). Computational approaches to decipher miRNA-target association in Mango (Mangifera indica L.). *Plant Gene*, *27*, 100292. https://doi.org/10.1016/j.plgene.2021.100292

[105]. Bravo-Vázquez, L. A., García-Ortega, M., Medina-Feria, S., Srivastava, A., & Paul, S. (2024). Identification and expression profiling of microRNAs in leaf tissues of Foeniculum vulgare Mill. under salinity stress. *Plant Signaling & Behavior*, 19(1). https://doi.org/10.1080/15592324.2024.2361174

[106]. Sharma, A., M., L., I., F., Roxana, P., Tovar Alfaro, C. K., Barrón Andrade, Y. E., Hernández Aros, A. K., Srivastava, A., & Paul, S. (2020). Identification of microRNAs and Their Expression in Leaf Tissues of Guava (Psidium guajava L.) under Salinity Stress. *Agronomy*, *10*(12), 1920. https://doi.org/10.3390/agronomy10121920

[107]. Paul, S., Reyes-Pérez, P., Angulo-Bejarano, P. I., Srivastava, A., Ramalingam, S., & Sharma, A. (2021). Characterization of microRNAs from neem (*Azadirachta indica*) and their tissue-specific expression study in leaves and stem. *3 Biotech*, *11*(6), 277. https://doi.org/10.1007/s13205-021-02839-z

[108]. Zhang, B., Stellwag, E. J., & Pan, X. (2009). Large-scale genome analysis reveals unique features of microRNAs. *Gene*, 443(1-2), 100-109. https://doi.org/10.1016/j.gene.2009.04.027

[109]. Choudhury, H. D., & Rajwanshi, R. (2023). Curative research on Centella asiatica L. MiRNA and their role in plant development. *Ecological Genetics and Genomics*, *29*, 100199. https://doi.org/10.1016/j.egg.2023.100199

[110]. Li, J., Ma, Y., Hu, M., Zhao, Y., Liu, B., Wang, C., Zhang, M., Zhang, L., Yang, X., & Mu, G. (2022). Multi-Omics and miRNA Interaction Joint Analysis Highlight New Insights Into Anthocyanin Biosynthesis in Peanuts (*Arachis hypogaea* L.). *Frontiers in Plant Science*, *13*, 818345. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.818345

[111]. Cho, Y. B., Jones, S. I., & Vodkin, L. (2013). The transition from primary siRNAs to amplified secondary siRNAs that regulate chalcone synthase during development of Glycine max seed coats. *PloS One*, *8*(10), e76954. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0076954

[112]. Tuteja, J. H., Zabala, G., Varala, K., Hudson, M., & Vodkin, L. O. (2009). Endogenous, Tissue-Specific Short Interfering RNAs Silence the Chalcone

Synthase Gene Family in Glycine max Seed Coats. *The Plant Cell*, 21(10), 3063-3077. https://doi.org/10.1105/tpc.109.069856

[113]. Sharma, D., Tiwari, M., Pandey, A., Bhatia, C., Sharma, A., & Trivedi, P. K. (2016). MicroRNA858 Is a Potential Regulator of Phenylpropanoid Pathway and Plant Development. *Plant Physiology*, *171*(2), 944–959. https://doi.org/10.1104/pp.15.01831

[114]. Zhu J, Zhao W, Li R, Guo D, Li H, Wang Y, Mei W and Peng S (2021) Identification and Characterization of Chalcone Isomerase Genes Involved in Flavonoid Production in Dracaena cambodiana *Frontiers in Plant Science* 12:616396. doi: 10.3389/fpls.2021.616396

[115]. Kumar, A., Sharma, M., Chaubey, S. N., & Kumar, A. (2020). Homology modeling and molecular dynamics based insights into *Chalcone synthase* and *Chalcone isomerase* in *Phyllanthus emblica* L. *3 Biotech*, *10*(8), 373. https://doi.org/10.1007/s13205-020-02367-2

[116]. Sun, P., Zhang, Z., Zhu, Q., Zhang, G., Xıang, P., Lın, Y., Laı, Z., & Lın, J. (2018). Identification of miRNAs and target genes regulating catechin biosynthesis in tea (Camellia sinensis). *Journal of Integrative Agriculture*, 17(5), 1154-1164. https://doi.org/10.1016/S2095-3119(17)61654-X

[117]. Sharma, D., Koul, A., Bhushan, S., Gupta, S., Kaul, S., & Dhar, M. K. (2023). Insights into microRNA-mediated interaction and regulation of metabolites in tomato. *Plant Biology*, 25(7), 1142-1153. https://doi.org/10.1111/plb.13572

[118]. Zu, Q., Qu, Y., Ni, Z., Zheng, K., Chen, Q., & Chen, Q. (2019). The Chalcone Isomerase Family in Cotton: Whole-Genome Bioinformatic and Expression Analyses of the Gossypium barbadense L. Response to Fusarium Wilt Infection. *Genes*, 10(12), 1006. https://doi.org/10.3390/genes10121006

[119]. Kou, M., Li, C., Song, W., Shen, Y., Tang, W., Zhang, Y., Wang, X., Yan, H., Gao, R., Ahmad, M. Q., & Li, Q. (2023). Identification and functional characterization of a flavonol synthase gene from sweet potato [Ipomoea batatas (L.) Lam.]. *Frontiers in Plant Science*, *14*. https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1181173

[120]. Yu, Z. X., Wang, L. J., Zhao, B., Shan, C. M., Zhang, Y. H., Chen, D. F., & Chen, X. Y. (2015). Progressive regulation of sesquiterpene biosynthesis in Arabidopsis and Patchouli (Pogostemon cablin) by the miR156-targeted SPL

transcription factors. *Molecular Plant*, *8*(1), 98–110. https://doi.org/10.1016/j.molp.2014.11.002

[121]. Li, G., Liu, X., Zhang, Y., Muhammad, A., Han, W., Li, D., Cheng, X., & Cai, Y. (2020). Cloning and functional characterization of two cinnamate 4-hydroxylase genes from Pyrus bretschneideri. *Plant Physiology and Biochemistry,* 156, 135-145. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2020.07.035

[122]. Sun, P., Cheng, C., Lin, Y., Zhu, Q., Lin, J., & Lai, Z. (2017). Combined small RNA and degradome sequencing reveals complex microRNA regulation of catechin biosynthesis in tea (Camellia sinensis). *PloS One*, *12*(2), e0171173. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0171173

[123]. Kawatra, A., Dhankhar, R., Mohanty, A., & Gulati, P. (2020). Biomedical applications of microbial phenylalanine ammonia lyase: Current status and future prospects. *Biochimie*, 177, 142-152. https://doi.org/10.1016/j.biochi.2020.08.009

[124]. Singh, N., Srivastava, S., & Sharma, A. (2016). Identification and analysis of miRNAs and their targets in ginger using bioinformatics approach. *Gene*, *575*(2), 570-576. https://doi.org/10.1016/j.gene.2015.09.036

[125]. Wang, S., Liu, S., Liu, L., Li, R., Guo, R., Xia, X., & Wei, C. (2020). miR477 targets the phenylalanine ammonia-lyase gene and enhances the susceptibility of the tea plant (Camellia sinensis) to disease during Pseudopestalotiopsis species infection. *Planta*, *251*(3), 59. https://doi.org/10.1007/s00425-020-03353-x

[126]. Rasool, F., Uzair, M., Naeem, M. K., Rehman, N., Afroz, A., Shah, H., & Khan, M. R. (2021). Phenylalanine Ammonia-Lyase (PAL) Genes Family in Wheat (Triticum aestivum L.): Genome-Wide Characterization and Expression Profiling. *Agronomy*, 11(12), 2511. https://doi.org/10.3390/agronomy11122511

[127]. Wu, X., Ma, Y., Wu, J., Wang, P., Zhang, Z., Xie, R., Liu, J., Fan, B., Wei, W., Nie, L. Z., & Liu, X. (2022). Identification of microRNAs and their target genes related to the accumulation of anthocyanin in purple potato tubers (Solanum tuberosum). *Plant Direct*, *6*(7), e418. https://doi.org/10.1002/pld3.418

[128]. Han, S. W., & Shin, J. S. (2022). Aromatic L-amino acid decarboxylases: mechanistic features and microbial applications. *Applied Microbiology and Biotechnology*, *106*(12), 4445–4458. https://doi.org/10.1007/s00253-022-12028-4

[129]. Lakhotia, N., Joshi, G., Bhardwaj, A. R., Katiyar-Agarwal, S., Agarwal, M., Jagannath, A., Goel, S., & Kumar, A. (2014). Identification and characterization of

miRNAome in root, stem, leaf and tuber developmental stages of potato (Solanum tuberosum L.) by high-throughput sequencing. *BioMed Central Plant Biology*, *14*, 6. https://doi.org/10.1186/1471-2229-14-6

[130]. Liang, S., Xu, S., Qu, D., Yang, L., Wang, J., Liu, H., Xin, W., Zou, D., & Zheng, H. (2022). Identification and Functional Analysis of the Caffeic Acid O-Methyltransferase (COMT) Gene Family in Rice (*Oryza sativa* L.). *International Journal of Molecular Sciences*, *23*(15), 8491. https://doi.org/10.3390/ijms23158491

[131]. Akhter S, Sami AA, Toma TI, Jahan B and Islam T (2022) Caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase gene family in jute: Genome-wide identification, evolutionary progression and transcript profiling under different quandaries. *Frontiers in Plant Science* 13:1035383. doi: 10.3389/fpls.2022.1035383

[132]. Biswas, S., Hazra, S., & Chattopadhyay, S. (2016). Identification of conserved miRNAs and their putative target genes in Podophyllum hexandrum (Himalayan Mayapple). *Plant Gene*, *6*, 82-89. https://doi.org/10.1016/j.plgene.2016.04.002

TEZDEN ÜRETİLMİŞ YAYINLAR

Konferans Bildirileri

1. P. Yigit, and S. Marakli, "In silico analysis of elucidating microRNAs in secondary metabolite production in medicinally important plants," in *Proc. 6th Int. Eurasian Conf. Biol. Chem. Sci. (EurasianBioChem 2023*), Ankara, Turkey, Oct. 11-13, 2023, pp. 111.