



**TÜBİTAK – BİDEB
LİSE ÖĞRETMENLERİ-FİZİK, KİMYA, BİYOLOJİ,
MATEMATİK- PROJE DANIŞMANLIĞI EĞİTİMİ ÇALIŞTAYI
(LİSE-3 [ÇALIŞTAY 2013])**



**BİYOLOJİ PROJE SUNUMU
GRUP SUSTURUCU**

PROJE ADI

**Bazı Bitki Türlerindeki miRNA' ların Muhtemel İnsan
Genlerindeki Hedeflerinin Belirlenmesi**

PROJE EKİBİ

Tuğba AVCU

PROJE DANIŞMANLARI

Prof.Dr. Gürcan GÜLERYÜZ Doç. Dr. Kemal Melih TAŞKIN

ÇANAKKALE

02 – 10 ŞUBAT 2013

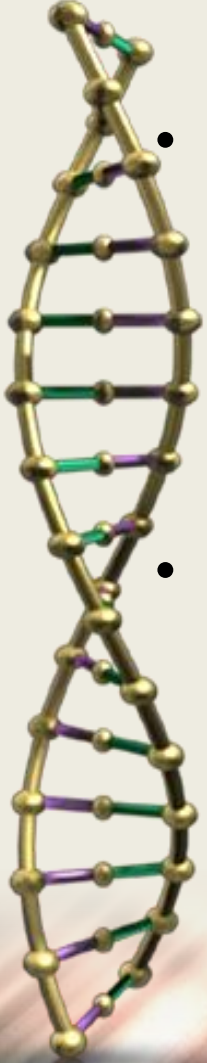


PROJENİN AMACI

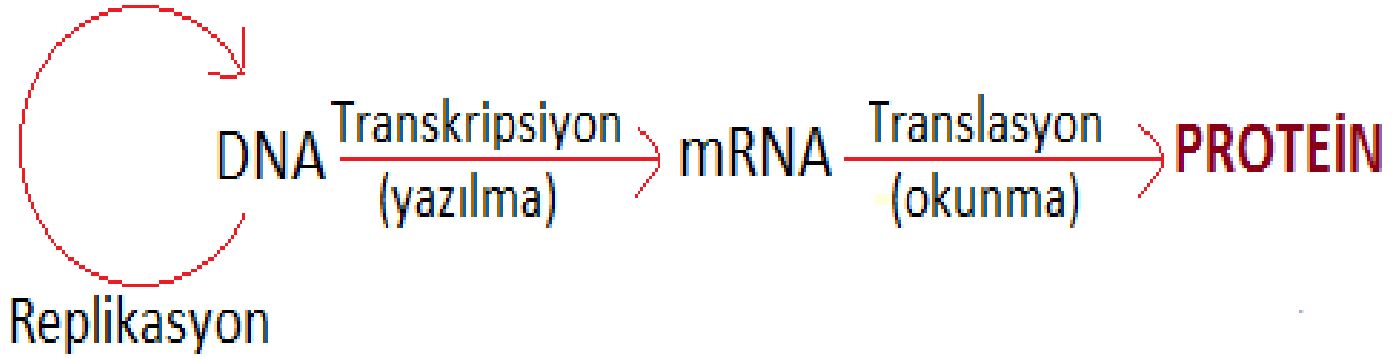


- miRNA ların farkındalığın arttırılması.
- Bazı Bitki türlerinde bulunan mikro RNA moleküllerinin insan komplementer genlerine ait olası hedef bölgelerinin tespit edilmesi.

GENETİK BİLGİ



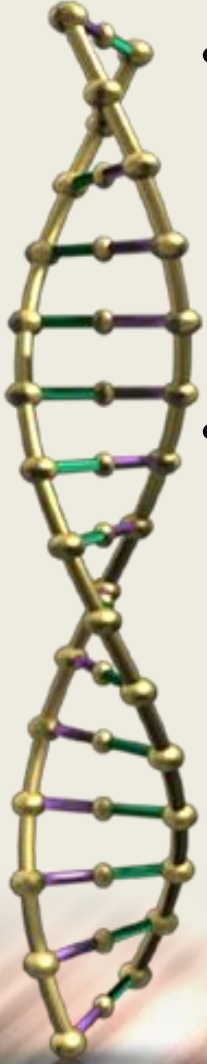
- Aktarıldığında soyların özelliklerini etkileyen genetik bilgi DNA da taşınır. DNA da bütün kalıtsal materyaller toplanmıştır.
- Ancak bilgilerin hepsinin anlatımı olmayabilir. Depolanan bilginin anlatımı karmaşık bir işlemdir ve hücrede bilgi akışının temelini oluşturur.



- Santral dogma olarak adlandırılan bu görüş **mikro RNA** (miRNA) adı verilen molekülünün anlatımının engellediğini bulması ile DNA'dan RNA'ya yönelik genetik bilginin aktarımı ve kontrolü konusunda ki hipotez sonlanmıştır.

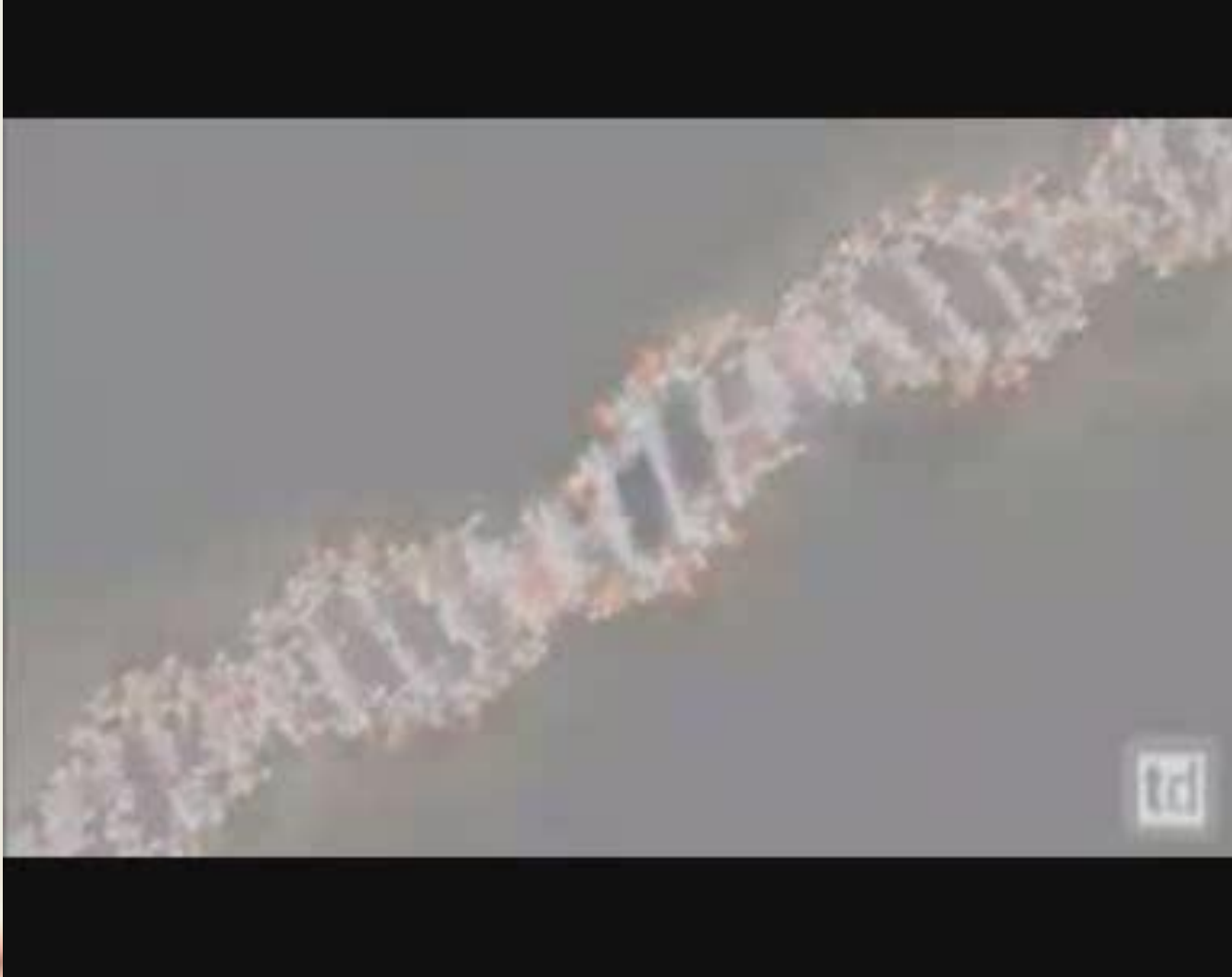


- Mikro RNA (mi-RNA) ilk olarak petunyalarda keşfedilmesine rağmen , 1993 yılında Lee ve çalışma arkadaşları lin-4 gen aktivasyon çalışması sırasında önemi fark edilmiştir . Bu korunmuş mekanizma bu zamana kadar *Plasmodium*, Planaria, fare, ve **insan** olmak üzere birçok farklı organizmada bulunmuştur.



- Bir mikroRNA ortalama 20-24 baz çifti uzunluğunda RNA molekülüdür.
- Protein kodlamayan bir gen tarafından ifade edilmektedir.

RNA ile Gen Sustainulması

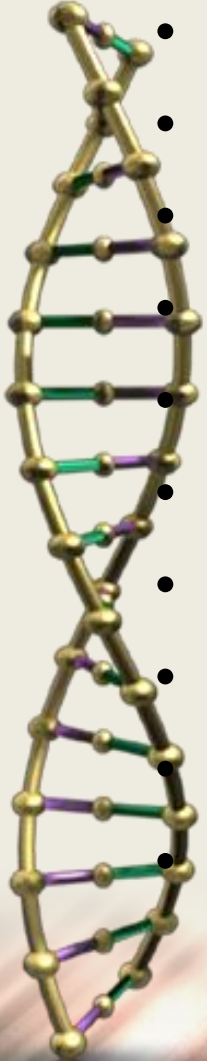


HASTALIKLAR & miRNA



Hastalık	İlişkili Olduğu miRNA
Kardiyak hipertrofi	miR-1 ↓, miR-133 ↓
Alzheimer hastalığı	miR-124a ↓, miR-9 ↑, miR-128 ↑
Psöriyazis	miR-203 ↑, miR-146a ↑, miR-21 ↑, miR-125b
HCV infeksiyonu	miR-122 ↑
PFV-1 infeksiyonu	miR-32 ↓
Tourette sendromu	miR-189 ↑
Parkinson hastalığı	miR-133b ↓
Şizofreni	miR-130b

MATERYAL VE YÖNTEM



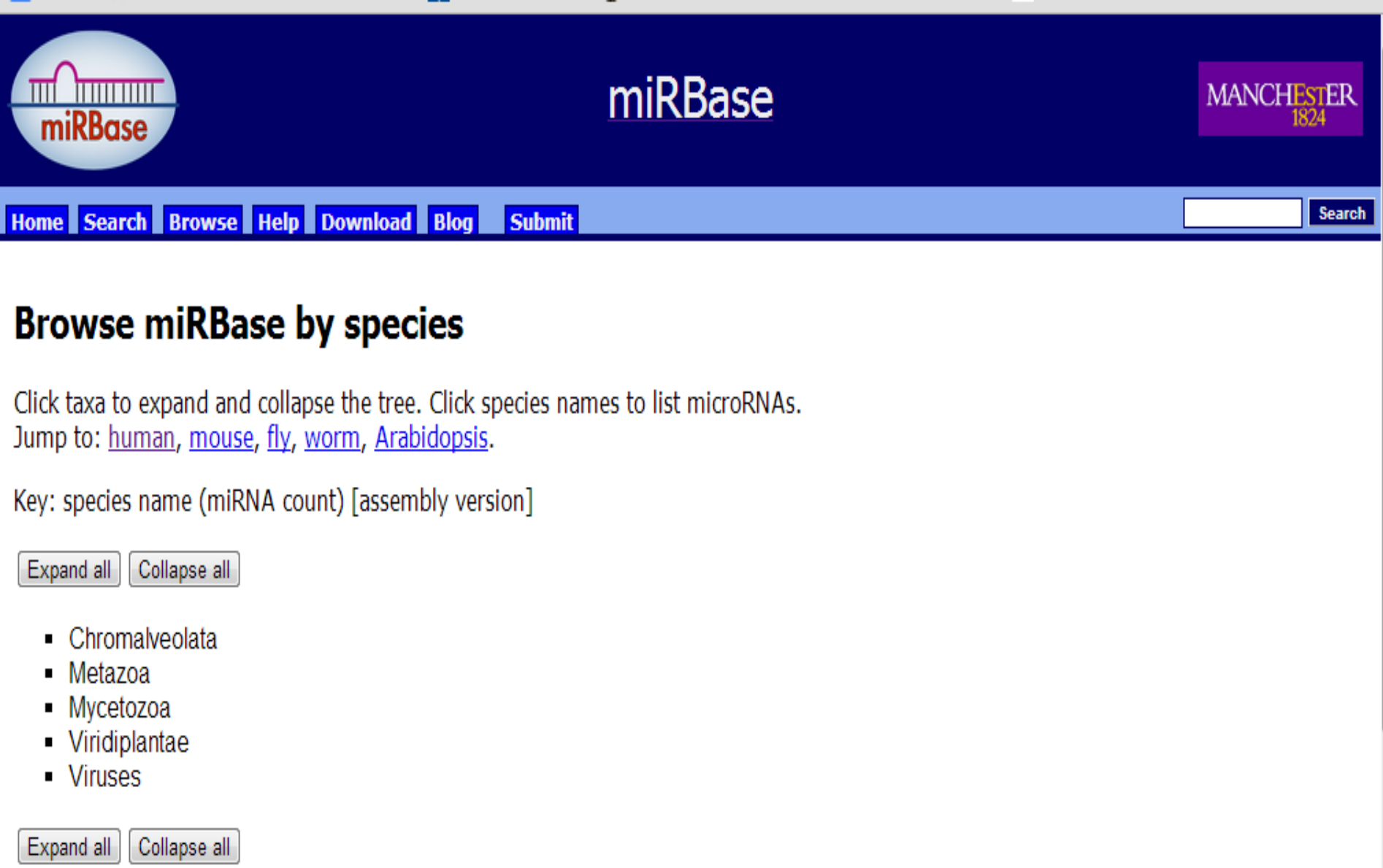
- *Aegilops tauschii*(buğday)
- *Citrus clementine*(mandalina)
- *Vitis vinifera*(üzüm)
- *Zea mays*(mısır),
- *Glycine soja*(soya)
- *Nicotiana sclera*(tütün)
- *Phaseolus vulgaris*(fasulye),
- *Solanum tuberosum*(patates)
- *Oryza sativa*(pirinç),
- *Salvia sclarea* (adaçayı) bitkileri seçilmiştir.

Biyoinformatik



- DNA dizileme teknolojilerindeki gelişmelerin ardından ortaya çıkan yeni bir bilim dalıdır. Amacı, deneyler ve gözlemsel çalışmalardan elde edilen verilerin yönetimi, depolanması, analizi ve yorumlanmasını sağlamaktır.
- Bitkilere ait micro RNA dizileri **biyoinformatik** yöntem kullanılarak **miRBASE** veri tabandan elde edilmiş ve bu veriler text formatında kaydedilmiştir.

miRBASE: mikroRNAların bulunduğu ücretsiz erişimi olan bir veritabanıdır.



The screenshot shows the miRBase website interface. At the top left is the miRBase logo, which consists of a circular emblem with a stylized building and the text "miRBase" below it. To the right of the logo is the text "miRBase" in a large, white, sans-serif font. Further right is the Manchester University logo, which says "MANCHESTER 1824" in white text on a purple rectangular background. Below these elements is a navigation bar with buttons for "Home", "Search", "Browse", "Help", "Download", "Blog", and "Submit". To the right of the navigation bar is a search input field and a "Search" button. The main content area has a heading "Browse miRBase by species" in bold black text. Below the heading is a paragraph of text: "Click taxa to expand and collapse the tree. Click species names to list microRNAs. Jump to: [human](#), [mouse](#), [fly](#), [worm](#), [Arabidopsis](#)." Below this text is a key: "Key: species name (miRNA count) [assembly version]". There are two buttons, "Expand all" and "Collapse all", positioned above and below a list of species. The list contains five items: "Chromalveolata", "Metazoa", "Mycetozoa", "Viridiplantae", and "Viruses".

Browse miRBase by species

Click taxa to expand and collapse the tree. Click species names to list microRNAs.
Jump to: [human](#), [mouse](#), [fly](#), [worm](#), [Arabidopsis](#).

Key: species name (miRNA count) [assembly version]

[Expand all](#) [Collapse all](#)

- Chromalveolata
- Metazoa
- Mycetozoa
- Viridiplantae
- Viruses

[Expand all](#) [Collapse all](#)



Citrus clementine miRNAs (5 sequences)

ID	Accession	Fetch
ccl-MIR167a	MI0013298	<input checked="" type="checkbox"/>
ccl-MIR167b	MI0013309	<input checked="" type="checkbox"/>
ccl-MIR168	MI0013299	<input checked="" type="checkbox"/>
ccl-MIR171	MI0013301	<input checked="" type="checkbox"/>
ccl-MIR396	MI0013304	<input checked="" type="checkbox"/>

Get selected sequences:

Mature sequence ▾

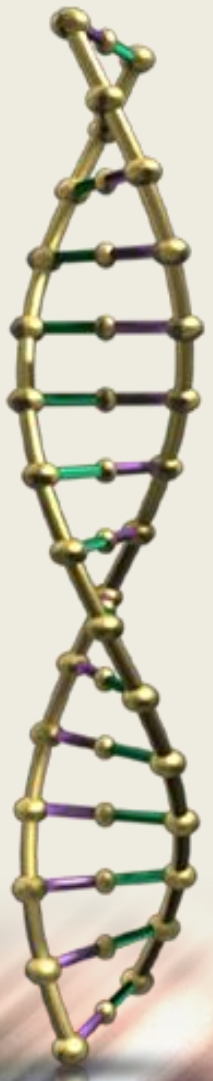
Select sequences and output type, then click "Fetch Sequences":

Unaligned fasta format ▾

Fetch Sequences

Select all

Reset



>ccl-miR167b MIMAT0014083

UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA

>ccl-miR396 MIMAT0014078

UCCACAGCUUUCUUGAACUU

>ccl-miR171 MIMAT0014075

UGAUUGAGCCGCGCCAAUAUC

>ccl-miR168 MIMAT0014073

UCGCUUGGUGCAGGUCGGGAA

>ccl-miR167a MIMAT0014072

UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA

National Center for Biotechnology Information(NCBI): Amerika ulusal moleküler biyoloji veritabanıdır.

The image shows the NCBI BLAST website interface. At the top, there is a navigation bar with the BLAST logo and the text "Basic Local Alignment Search Tool". Below the navigation bar, there are several buttons: "Home", "Recent Results", "Saved Strategies", and "Help". On the right side of the navigation bar, there are links for "My NCBI", "Sign In", and "Register".

The main content area features a search bar with the text "BLAST finds regions of similarity between biological sequences. [more...](#)". Below the search bar, there is a "New" badge and a link to "DELTA-BLAST, a more sensitive protein-protein search" with a "Go" button.

The "BLAST Assembled RefSeq Genomes" section provides a list of species genomes to search, including Human, Mouse, Rat, Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Bos taurus, Danio rerio, Drosophila melanogaster, Gallus gallus, Pan troglodytes, Microbes, and Apis mellifera.

The "Basic BLAST" section offers a choice of BLAST programs to run, with a description for "nucleotide blast" and its algorithms: blastn, megablast, and discontinuous megablast.

On the right side, there is a "News" section with a link to "Improved BLAST statistics described in BMC Research Notes" and a "Tip of the Day" section with a link to "How to save custom search pages".

Standard Nucleotide BLAST

blastn blastp blastx tblastn tblastx

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. [more...](#)

[Reset page](#) [Bookmark](#)

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) ?

[Clear](#)

Query subrange ?

```
>ccl-miR167b MIMAT0014083
UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA
>ccl-miR396 MIMAT0014078
UUCCACAGCUUUCUUGAACUU
>ccl-miR171 MIMAT0014075
```

From

To

Or, upload file

Dosya Seç Dosya seçilmedi ?

Job Title

5 sequences (ccl-miR167b MIMAT0014083)

Enter a descriptive title for your BLAST search ?

Align two or more sequences ?

Choose Search Set

Database

Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):

◆ Reference RNA sequences (refseq_ma) ?

Database

Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):

◆ Reference RNA sequences (refseq_rna) ⓘ

Organism

Optional

Enter organism name or id—completions will be suggested Exclude +

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown. ⓘ

Exclude

Optional

Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

Entrez Query

Optional

Enter an Entrez query to limit search ⓘ

Program Selection

Optimize for

- Highly similar sequences (megablast)
 More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
 Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm ⓘ

BLAST

Search database Reference RNA sequences (refseq_rna) using Megablast (Optimize for highly similar sequences)

Show results in a new window

[+ Algorithm parameters](#)

Note: Parameter values that differ from the default are highlighted in yellow and marked with ◆ sign

Glycine max microRNA MIR167c (MIR167C), microRNA

Sequence ID: [ref|NR_048606.1|](#) Length: 375 Number of Matches: 1Range 1: 11 to 31 [GenBank](#) [Graphics](#)

▾ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
42.1 bits(21)	0.006	21/21(100%)	0/21(0%)	Plus/Plus

```

Query 1  TGAAGCTGCCAGCATGATCTG  21
          |||
Sbjct 11  TGAAGCTGCCAGCATGATCTG  31

```

Related Information[Gene](#) - associated gene details

Populus trichocarpa predicted protein, mRNA

Sequence ID: [ref|XM_002332243.1|](#) Length: 754 Number of Matches: 1Range 1: 306 to 326 [GenBank](#) [Graphics](#)

▾ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
42.1 bits(21)	0.006	21/21(100%)	0/21(0%)	Plus/Minus

```

Query 1  TGAAGCTGCCAGCATGATCTG  21
          |||
Sbjct 326 TGAAGCTGCCAGCATGATCTG  306

```

Related Information[Gene](#) - associated gene details[Map Viewer](#) - aligned genomic context

Glycine max microRNA MIR167b (MIR167B), microRNA

- ***Zea mays* Bitkisinin insan genomu üzerindeki komplementer dizilerinin bulunması**

- zma-miR156e-3p MIMAT0015128

- >ref|NM_152795.3| Homo sapiens hypoxia inducible factor 3, alpha subunit (HIF3A),

- transcript variant 3, mRNA

- Length=5867

- Score = 28.2 bits (14), Expect = 2.9

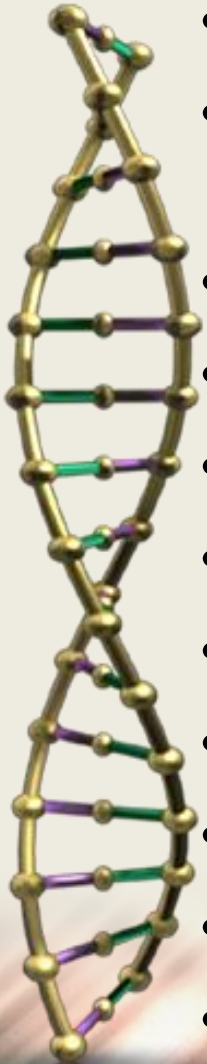
- Identities = 14/14 (100%), Gaps = 0/14 (0%)

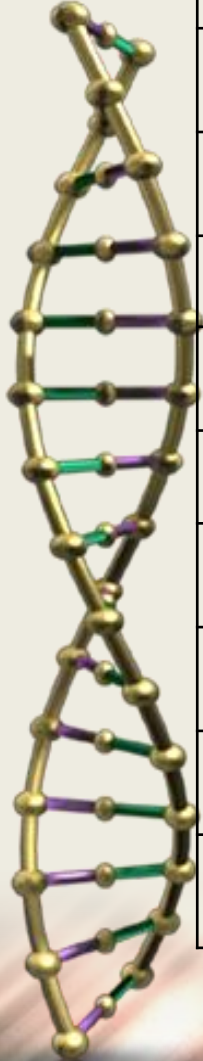
- Strand=Plus/Plus

- Query 2 CTCACTGCTCTCTC 15

- | | | | | | | | | |

- Sbjct 1954 CTCACTGCTCTCTC 1967





Bitki İsmi	Eşleştirecek miRNA Sayısı	Bire Bir Eşlenen Nükleotit Dizisi
Aegilops tauschii(buğday)	2	2
Citrus clementine(mandalna)	5	5
Vitis vinifera(üzüm)	5	5
Zea mays(mısır),	5	5
Glycine soja(soya)	7	7
Nicotiana sclera(tütün)	6	6
Phaseolus vulgaris(fasulye),	5	5
Solanum tuberosum(patates)	5	5
Oryza sativa(pirinç),	5	5
Salvia sclarea (adaçayı)	5	5

SONUÇ ve ÖNERİLER

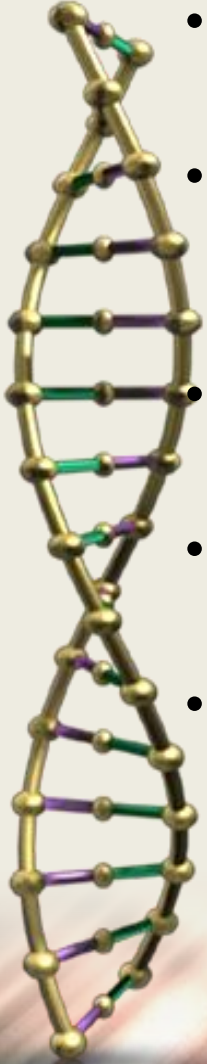


- Çeltik bitkisi pirinç tanelerinde bol miktarda bulunan mir168a isimli miRNA'nın Çin'deki bazı deney grubunda yer alan insanların kan serumlarında ve dokularında yüksek oranlarda beslenme yoluyla geçebildiği gösterilmiştir.
- LDLRAP1 mRNA'sına bağlanabildiği ve bunun sonucunda da plazmadaki LDL miktarını azaltmaya yol açtığı gösterilmiştir. Bu bulgu besin yoluyla dışarıdan alınan bitki miRNA'larının memelilerdeki hedef genlerin anlatımını değiştirebileceğini ve fizyolojik etkileyebileceği gösterilmiştir.



- Bu projede benzer etkiye sahip olabilecek farklı bitki türlerindeki aday miRNA'lar belirlenmiştir. Bununla birlikte bu çalışmada elde edilen aday miRNA'ların deneysel olarak besin alımıyla kana ve dokulara geçip geçmediği ve hedef genlerinin anlatımlarını değiştirip değiştirmediği test edilerek bulunmalıdır.

TEŐEKKÜRLER



- alıőtay koordinatörü Prof. Dr. Mehmet AY' a,
- Sunuları ve alıőmalarıyla bizleri aydınlatan danışmanlarımız Prof.Dr.Gürcan GÜLERYÜZ'e
- Do.Dr.Kemal Melih TAŐKIN'a,
- Fatih Sezer'e ,Teknisyen Merve Hız'a,
- Tüm alıőtay ekibine ve anakkale Onsekiz Mart Üniversitesi' ne teőekkür ederim.