ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

bHLH TRANSKRİPSİYON FAKTÖRÜ GENLERİNİN GÖKKUŞAĞI ALABALIĞI (*Oncorhynchus mykiss*) GENOMUNDA TANIMLANMASI VE BİYOİNFORMATİK YÖNTEMLERLE ANALİZİ

Gülsüm DEDEELİ
Kastamonu Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Genetik ve Biyomühendislik Ana Bilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU

Temel sarmal döngü sarmal (bHLH) proteinleri, ökaryotik tranksipsiyon faktörleri içerisinde büyük bir aileyi temsil etmektedir. Hücresel ve gelişimsel çoğu süreçte yer almaları nedeniyle, bitkiler, hayvanlar, mantarlar gibi birçok türde araştırma konusu olmuştur.

Gökkuşağı alabalığı (*Oncorhynchus mykiss*), çevre koşullarına kolay uyum sağlaması, sıcaklık toleransına sahip olması, yemlenmesinin kolay olması ve buna bağlı olarak iyi bir büyüme göstermesi sebeplerinden ötürü, yetiştiriciliği en fazla yapılan türler arasındadır. Genom dizisi yayınlanmış olmasına rağmen, bu balığa ait bHLH protein karakterizasyonu daha önce yapılmamıştır.

Bu çalışmada, Gökkuşağı alabalığına ait *bHLH* gen ailesi, biyoinformatik araçlar kullanılarak belirlenmiştir. Yapılan analizler sonucunda, Gökkuşağı alabalığı genomunda kodlanan 441 adet *OmybHLH* geni tanımlanmıştır. Bunun yanında, bu genlere ait kromozomal yerleşimler, korunmuş motifler, olası üç boyutlu gen yapısı tahmini, gen ontolojisi, filogenetik ilişkiler ve farklı türler arasındaki evrimsel ilişkiler gibi birçok özellik, çalışma kapsamında incelenmiştir.

Çalışma, hücre yenilenmesi, farklılaşması, kök hücre oluşumu, sinir hücreleri oluşumu gibi birçok gelişimsel süreçte yer alan *bHLH* gen ailesine ait üyelerin, yapılarının, işlevlerinin ve evrimsel ilişkilerinin anlaşılabilmesi açısından önem arzetmektedir. Bunun yanında, farklı türlerdeki *bHLH* genlerini analiz eden diğer çalışmalar için iyi bir kaynak sunmaktadır.

Anahtar Kelimeler: *Oncorhynchus mykiss*, bHLH, Gen İfade Analizi, Moleküler Karakterizasyon

2020, 208 sayfa
Bilim Kodu: 923