

ÖZET

Bu tez kapsamında T.C. İstanbul Kültür Üniversitesi Bitki Biyoteknolojisi Labrotuarı'nda ülkemizde yaygın ekime sahip olan Osmancık-97 çeşidi ve gama radyasyonu ile tuzluluğa toleranslı olarak elde edilmiş mutant 300-5 çeltik hattının, tuz stresi altında tuzlulukla ilişkisi belirlenen miRNA profilleri (miR156a, miR159a, miR169b, miR393a, miR398a ve miR820a) ve bu miRNA'ların etki ettiği genlerin (SPL16, MYB, HAPC2, AFB2, TIR1, CSD2 ve DRM2) tuz stresindeki ifadelerinin incelenmesi amaçlanmıştır.

Tuza toleranslı mutant ile kontrol grubu olarak belirlenen Osmanık-97 çeşidi tuzlu (150 mM NaCl) ve tuzsuz ortamlarda T.C. İstanbul Kültür Üniversitesi Bitki Biyoteknolojisi Labrotuarı'nda in-vivo ortamda geliştirilmiştir. Hasadı yapılan bitkilerin miRNA ifadelerindeki değişimleri karşılaştırmak amacı ile miRNA izolasyonu yapılmış ardından cDNA reaksiyonu gerçekleştirilmiş ve Probe tabanlı Real-Time PCR analizi yapılmıştır. Elde edilen veriler Osmancık-97 bitkisi ile M-300-5 hattı arasında karşılaştırılmıştır. miRNA'ların hedef gen bölgelerindeki ifadelerin değişimlerini incelemek için tasarımı yapılan primerler ile Real-Time PCR analizi yapılmıştır. Elde edilen bulgular Osmancık-97 çeltik çeşidinde ait bitkiler ile M-300-5 hattı arasında karşılaştırılmıştır.

Sonuç olarak yapılan bu çalışmada seçilen mutant bitkide tuz stresinde belirlediğimiz tüm miRNA'ların ifadelerinde artış gözlenmiştir. miRNA gruplarının hedef aldığı gen bölgelerinden metilasyon ile ilişkili gen bölgesi DRM2'de, transkripsiyon faktörü olan NF-YA (HAPC2), kök gelişimi ile ilişkili gen bölgesi AFB2 ve TIR1'de, çiçeklenme ile ilişkili gen bölgesi SPL16'da azalma meydana gelirken, MYB transkripsiyon faktöründe ve SOD ile ilişkili olan CSD2 gen bölgesinde artış olmuştur.

Yapılan bu çalışma laboratuvarımızda mutasyon ıslahı metodu ile geliştirilmiş mutant hatlar ile gerçekleştirildiğinden elde edilen miRNA ifadelerindeki değişiklikler özgün değer taşımaktadır.

Anahtar kelimeler: *Oryza sativa*, Tuz stresi, miRNA, Gerçek Zamanlı PZR

ABSTRACT

In contents of thesis mutant 300-5 rice line obtained from Osmancık-97 variety, and which are tolerant to salinity with gamma radiation, were used in Istanbul Kultur University Plant Biotechnology Laboratory. It was aimed to examine the miRNA profiles (miR156a, miR159a, miR169b, miR393a, miR398a and miR820a) of mutant 300-5 rice line, whose relationship with salinity was determined under salt stress. In addition, it was aimed to examine the expressions of genes (SPL16, MYB, HAPC2, AFB2, TIR1, CSD2 and DRM2) affected by miRNAs in salt stress.

Mutant variety and Osmancık-97 species were grown in salt and salt-free environments at Istanbul Kultur University Plant Biotechnology Laboratory in-vivo. In order to compare the changes in miRNA expressions, miRNA isolation and cDNA reaction was performed. Then, Probe-based Real-Time PCR analysis was performed. Real-Time PCR analysis was performed to analyze changes in target gene regions. The findings were compared between Osmancık-97 and M-300-5 line.

As a result, an increase in salt stress was detected in all miRNA groups of the mutant line selected in this study. There was a decrease in gene regions associated with methylation targeted by miRNA groups, transcription factor HAPC2, root development and flowering. However, an increase was found in the gene region associated with SOD pathways.

Since this study was carried out in our laboratory with mutant lines developed by the mutation breeding method, the changes in the miRNA expressions obtained are of original value.

Keywords: *Oryza sativa*, Salt stress, miRNA, Real-Time PCR