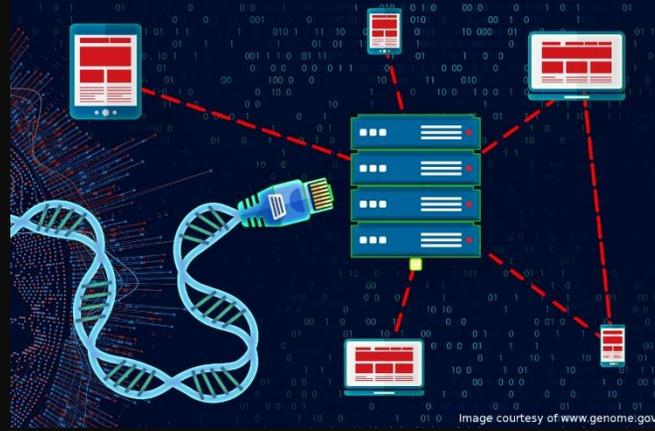


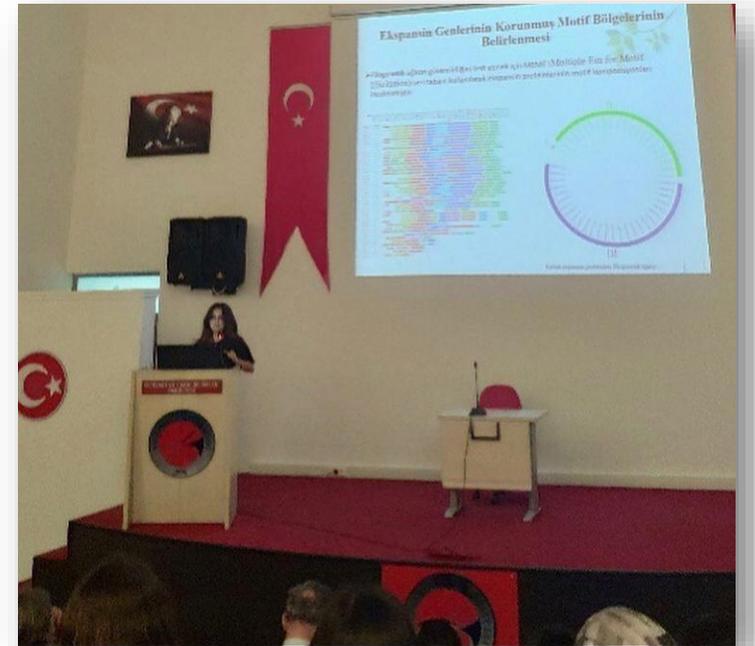
BİYOİNFORMATIĞIN TEMELLERİ VE UYGULAMA ALANLARI



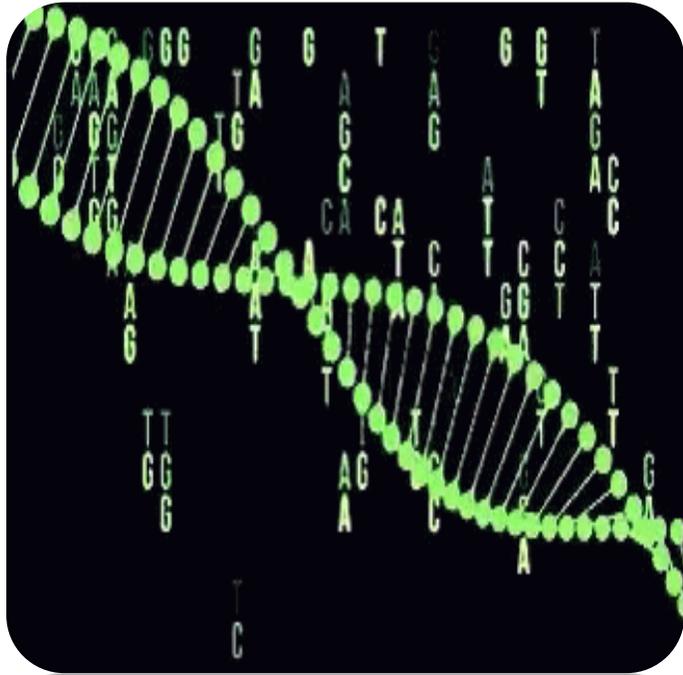
**2015-2019 K.Ü. Genetik ve
Biyomühendislik**

**2019-Halen A.Ü. Bitki Moleküler
Biyolojisi Laboratuvarı**

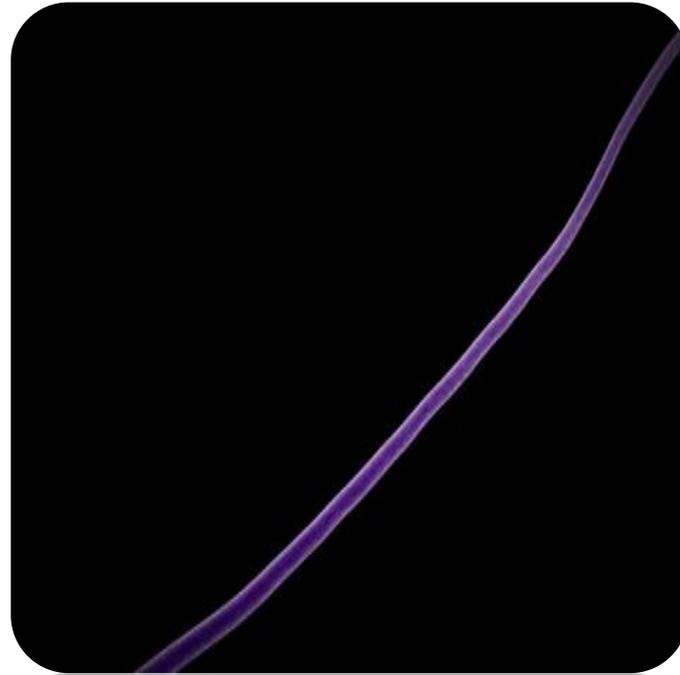
2020-Halen H.Ü. Aşı Teknolojileri



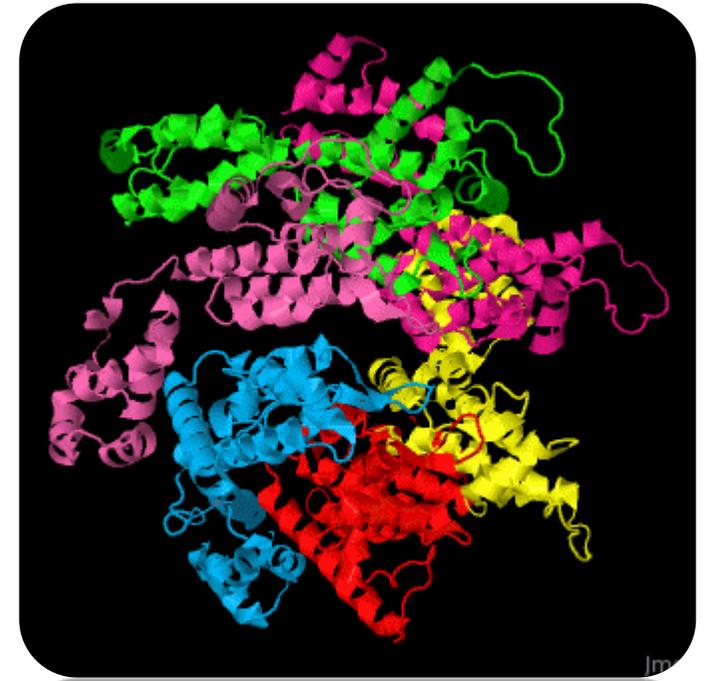




GENOMIKS



TRANSKRIPTOMIKS

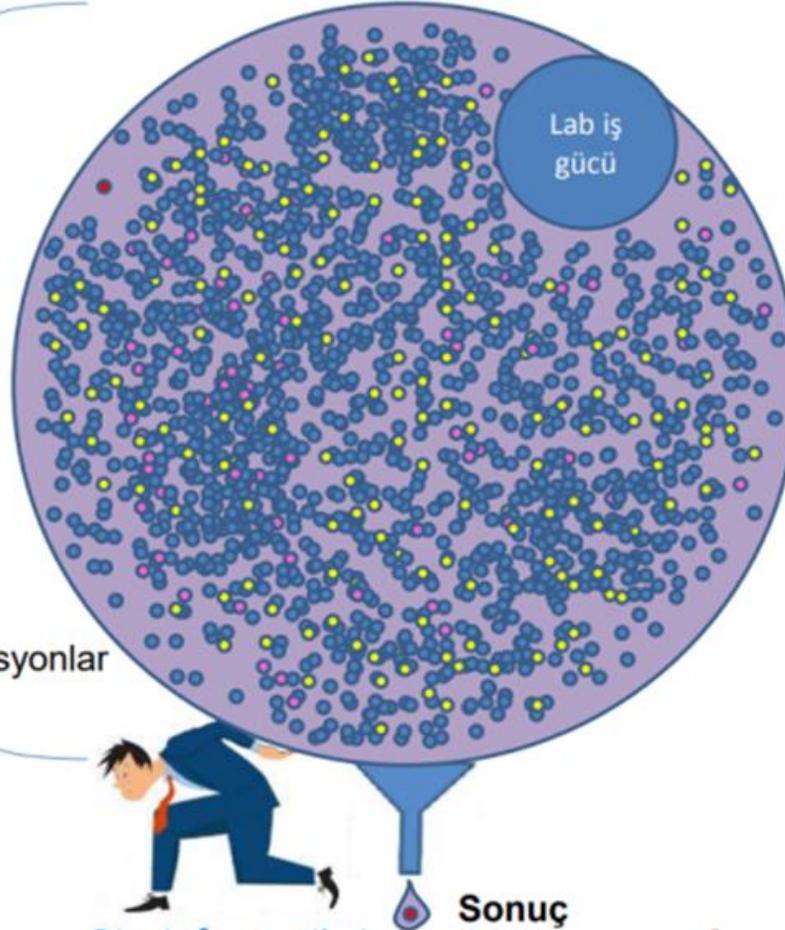


PROTEOMIKS

Yeni nesil dizileme ile tanı

İşlem sonrası
Elde edilen bilgi

- → Normal diziler
- → Nadir/de novo varyasyonlar ya da etkisi bilinmeyen mutasyonlar
- → Polimorfizm
- → Fenotip ilişkili mutasyon



31.10.2014 22:44

Biyoinformatikçi

9

BİYOLOJİ

BİYOİNFORMATİK

BİLGİSAYAR

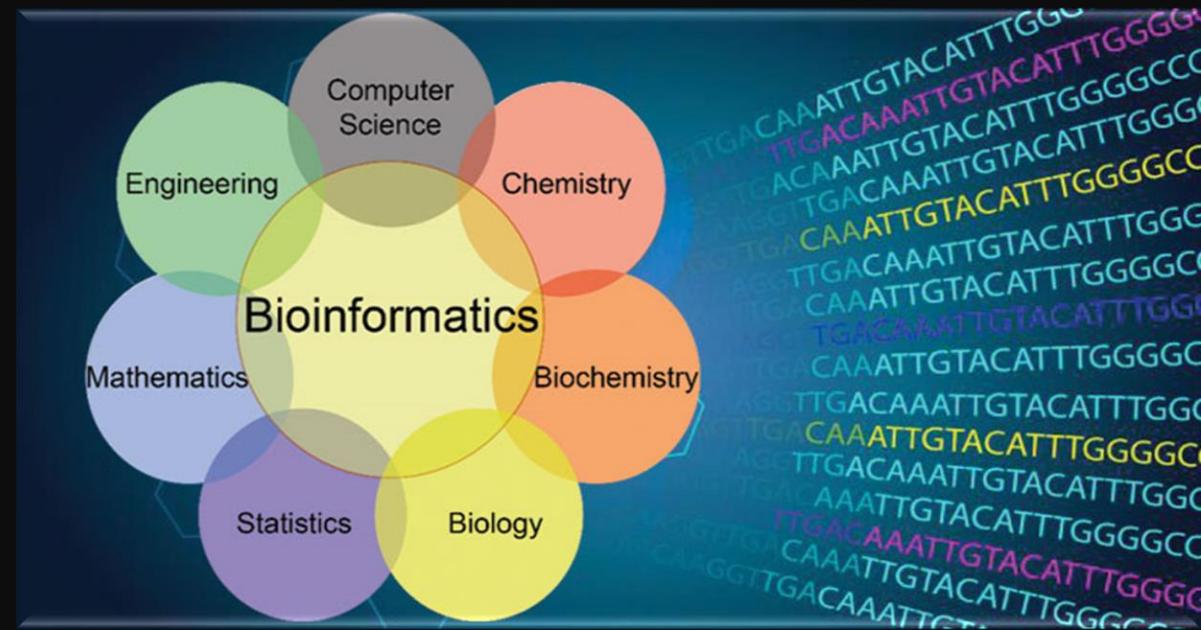


**DATA
MINING**



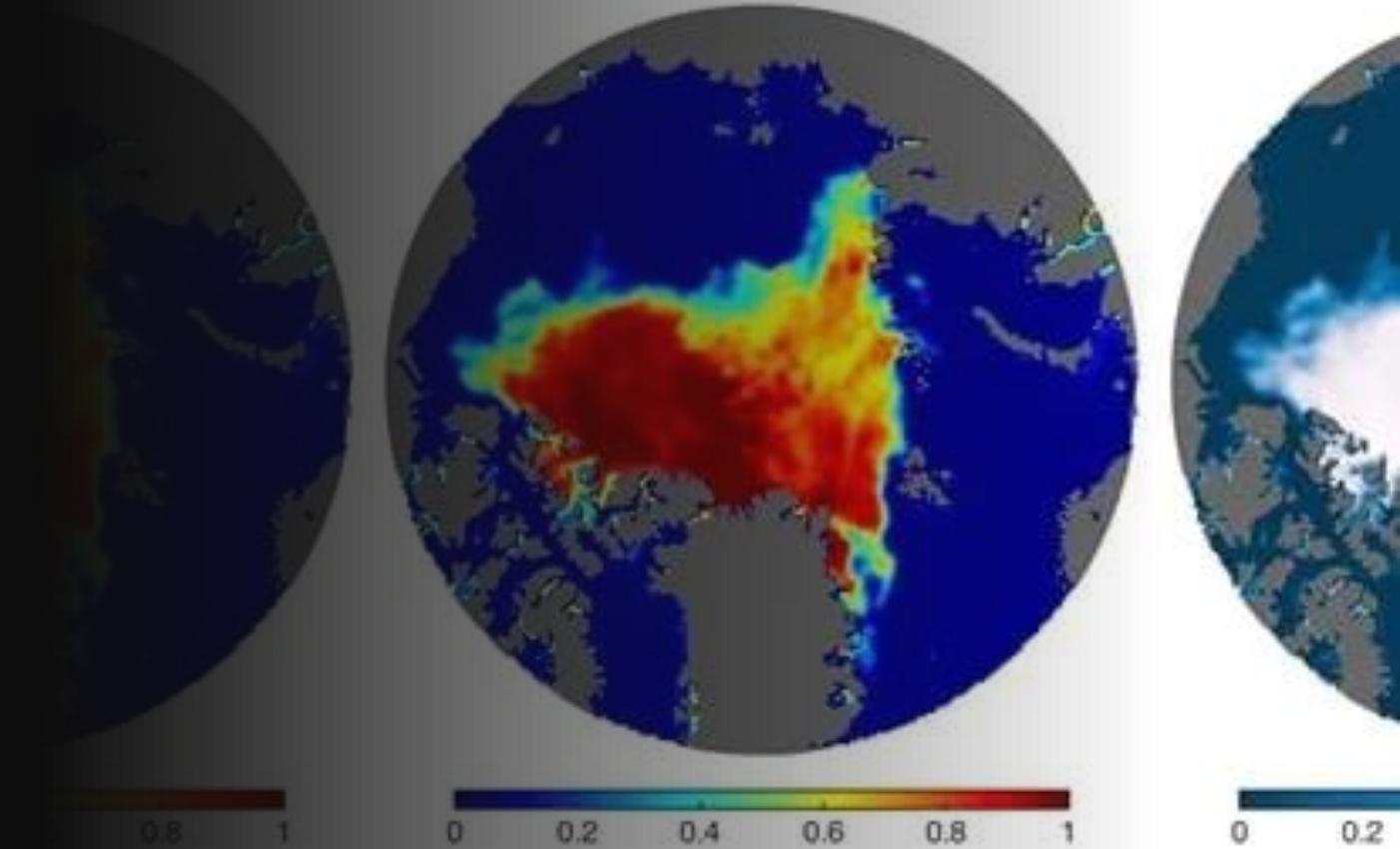
Biyoinformatik Nedir?

- Günümüzde çoğu biyolojik araştırma, elde edilen ham verilerin düzenlenmesini, anlamlandırılmasını ve farklı tipteki bilgilerin toplanmasını sağlayan matematik, istatistik ve bilgi teknolojilerine dayalı araçların kullanımını gerektirir.



Biyoinformatik Nedir?

- Hesaplmalı biyoloji, bilgisayar yardımıyla analizleri, modellemeleri ve tahminlemeleri kullanan tüm biyoloji alt disiplinleri kapsayan bir üst terim olarak tanımlanırken, biyoinformatik ise onun parçası olarak kabul edilmektedir.



Biyoinformatik Nedir?



Tisdall (2001), biyolojik verilerin analizinde ve yönteminde hesaplamalı araçların ve tekniklerin uygulanması.



Luscombe, Greenbaum, Gerstein (2001), biyo-moleküllerle ilgili bilgiyi anlamak ve organize etmek için bu molekülleri kavramsallaştıran ve enformatik teknikleri uygulayan bir disiplindir.



Higgs – Atwood (2005), genlerin, proteinlerin ve genom yapılarının fonksiyonlarının ve evrimlerinin çalışılması için hesapsal metodların geliştirilmesi.



Xiong (2006), biyoinformatiği, genlerin, genomların ve bunların ürünlerinin dizileri ve yapısal-fonksiyonel analizleri ile ilgilenen bilim dalı.

Bazı biyoinformatik araçlar ve analizler

Veri elde etme ve depolama

Veri tabanlarının kullanılabilirliği

Veri analizi

Nükleik asit ve protein dizilerinin analizleri ve özelliklerinin belirlenmesi

Proteinlerin üç boyutlu yapılarının tahminlenmesi

Gen tahminlenmesi

Fonksiyonel analizler

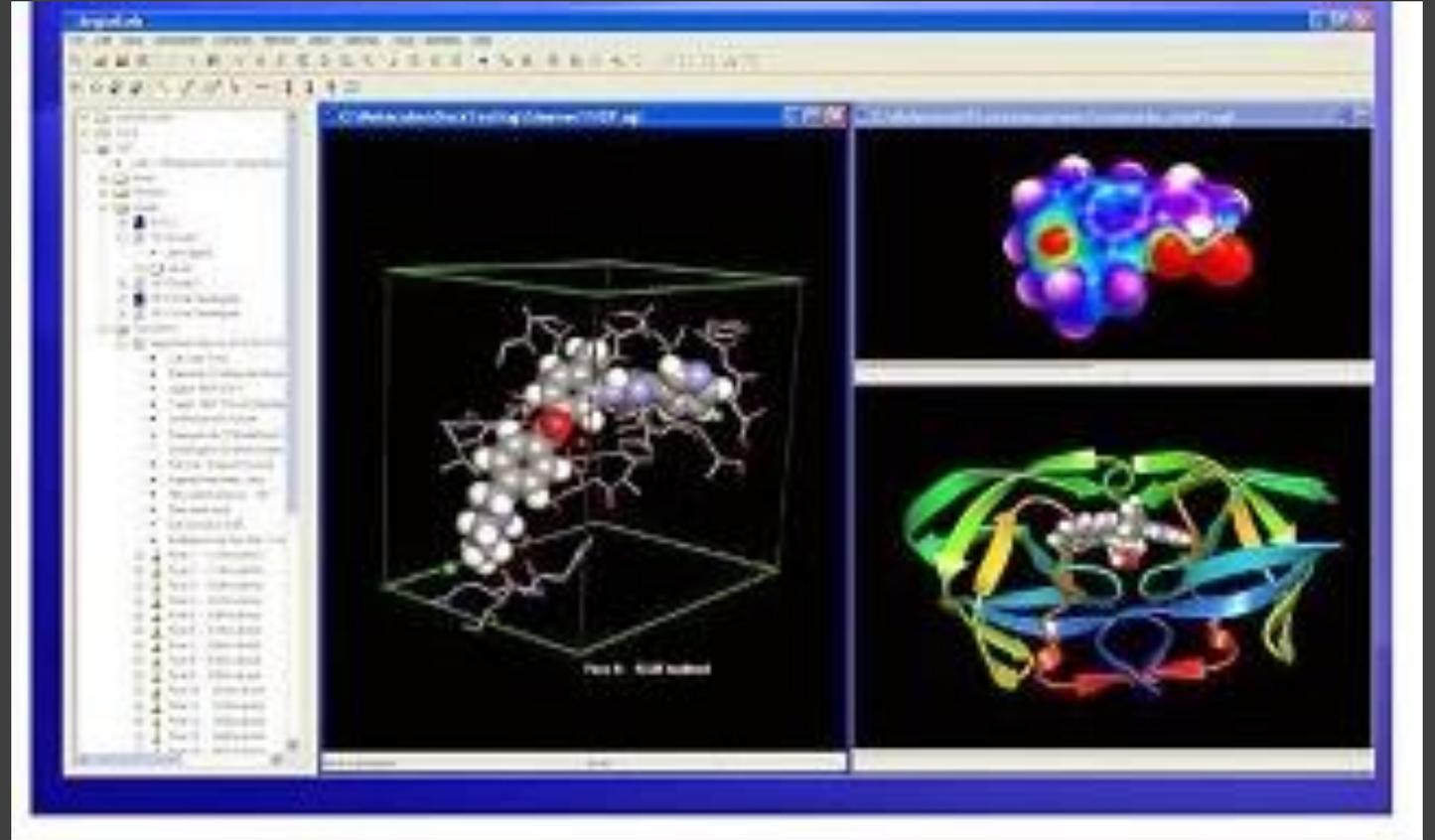
Gen ve protein etkileşim ağlarının analizleri ve filogenetik karşılaştırma analizleri

Biyoinformatiğin Uygulama Alanları

1. Saėlık Alanında Uygulama Alanları

Biyoinformatik; ilaç keşfi, ilaç değerlendirilmesi ve ilaç geliştirilmesinin neredeyse tüm safhalarında giderek daha önemli bir rol oynamaktadır.

Bilim adamları, ortaya çıkmış biyoinformatik araçlardan önce yeni bileşikler keşfetmek için kimya, farmakoloji ve klinik bilimlerdeki klasik yöntemleri kullanmışlardır.



Bilgisayar Destekli İlaç Tasarımı

- Proteinlerin üç boyutlu yapılarının ve fonksiyonlarının tahminlendiği modelleme çalışmaları, bileşiklerin spesifik proteinlerde belirli bölgelere bağlanacak şekilde düzenlenmelerine olanak tanımaktadır.

Bilgisayar Destekli İlaç Tasarımı



Bir dizi biyoinformatik araç, bir proteini bağlayan/inhibe edebilen veya aktive edebilen çok sayıdaki bileşiğin sanal olarak taranmasına izin vermektedir.

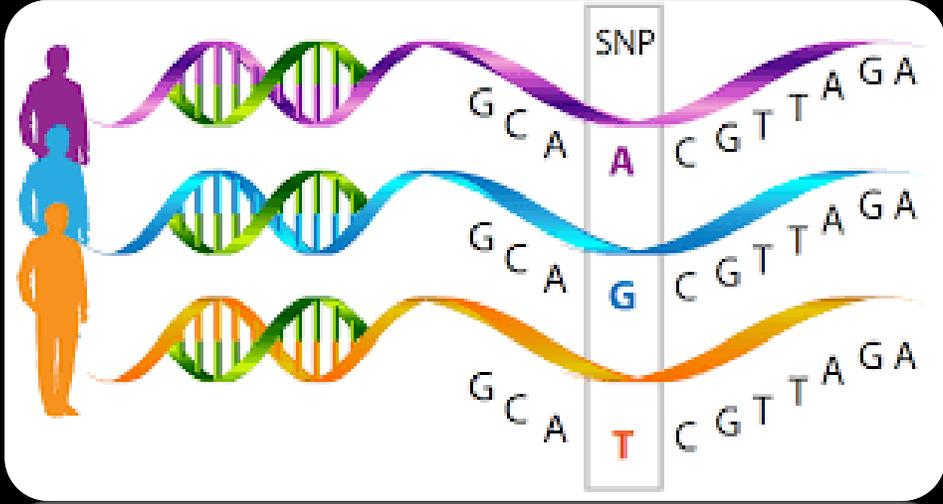


Sanal Yüksek Hacimli Görüntüleme, umut verici moleküllerin olabildiğince erken erken belirlenmesini sağlamakta; tüm ilaç keşfi sürecinde en çok ihtiyaç duyulan süreçlerden bir tanesini kısaltmaktadır.

Biyoinformatiğin Uygulama Alanları

2. Kişiselleştirilmiş Tıp

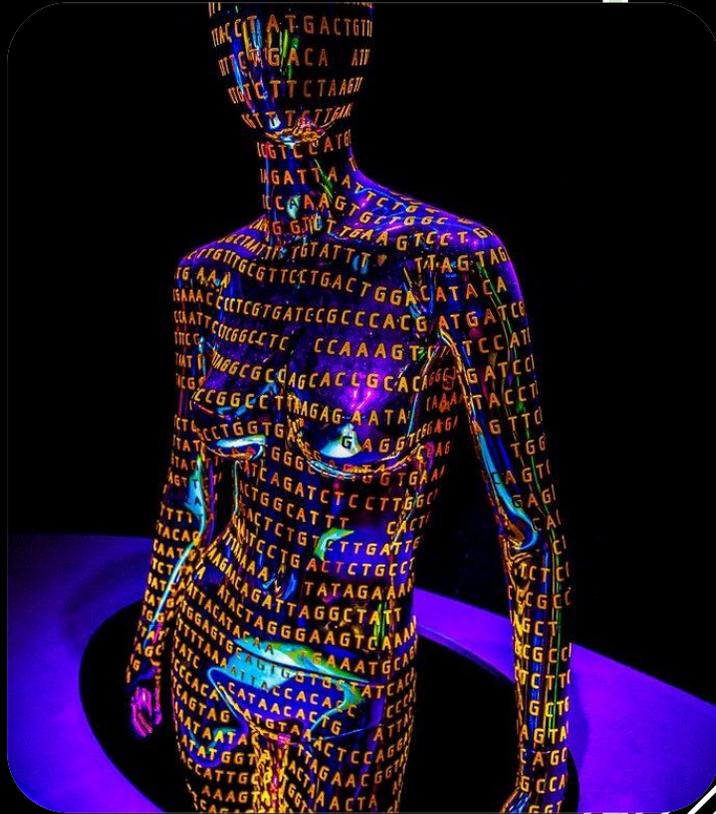
- Her hastanın genetik yapısına göre özelleştirilmiş tıbbi bakımı ifade etmektedir.
- Kişiselleştirilmiş ilaçlar veya tedaviler; toplu, genel ilaçların sona erdiği durumlarda bireye maksimum fayda sağlamak için tasarlanan ilaçların devreye girmesi anlamına gelmektedir.



Tek Nükleotit Polimorfizmi (SNP)

- SNP, Tek Nükleotid deęişimleri anlamına gelmektedir.
- SNP'ler, günümüzde birçok hastalıkla ilişkilendirilen, tanı koymada gerekli ve kişiye özgü tedavilerin geliştirilmesinde kullanılabilen genetik deęişimlerdir.
- İnsan genomunda yaklaşık 6 milyar nükleotid vardır. Her 1000 ila 2000 nükleotidde bir SNP gözlenmektedir.

İnsan Genom Projesi



- İnsan Genom Projesi, insan DNA'sını oluşturan baz çiftlerini belirlemek, insan genomunun tüm genlerini fiziksel ve işlevsel açıdan tanımlamak ve gen haritasını çıkarmak amacıyla güden uluslararası bir bilimsel araştırma projesidir.
- Farklı ülke ve kurumların iş birliğiyle yürütülen en büyük biyoloji projesidir.

TCGA



Kanser Genom Atlas Projesi

- Tümör geni ifade verilerini ve klinik bilgileri içerir.
- Araştırmacıların bir tümörün gelişimi ve metastazı sırasında ortaya çıkan önemli genomik değişiklikler hakkında bilgi toplamasına olanak tanır.

Biyoinformatiğin Uygulama Alanları



3. Mikrobiyal Genomların Biyoinformatik Uygulamaları

- Genomik ve biyoinformatik veriler, bazı proteinlerin yapısal karakterizasyonu ile büyük ölçüde zenginleştirilebilecek kıymetli bilgiler sağlar.

Biyoinformatiğin Uygulama Alanları

4. Biyoteknoloji

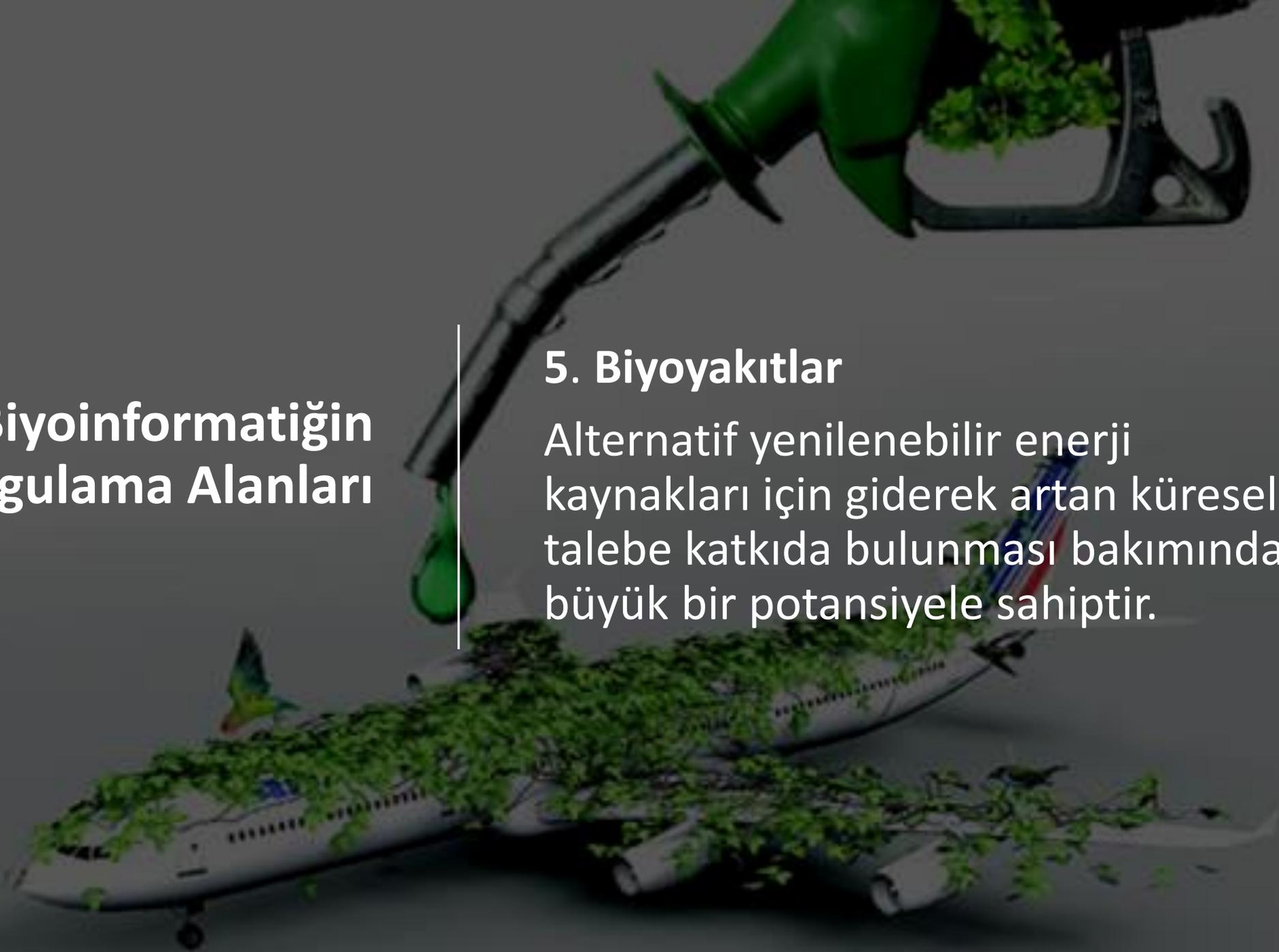
- Canlı organizmaları insanın amaçlarına göre deęiřtirmek üzere tasarlanmış olan tüm konuları kapsamaktadır.
- Örneęin, bitkilerin kültüre alınması ve bunların suni seleksiyon ve melezleme kullanan ıslah programları vasıtasıyla 'iyileřtirilmesi' gibi eski uygulamalara kadar götürebilecek çeřitli yöntemleri kapsar.



Biyoinformatiğin Uygulama Alanları

5. Biyoyakıtlar

Alternatif yenilenebilir enerji kaynakları için giderek artan küresel talebe katkıda bulunması bakımından büyük bir potansiyele sahiptir.



Biyoinformatiğin Uygulama Alanları

6. Tarımsal Alanda Biyoinformatik Uygulama Alanları

- Çoklu omiks yaklaşımları kullanan ve sonuçlarını birleştiren bütünleyici bir yaklaşım, bitki verimliliğini artırmak için gerekli moleküler sistemleri aydınlatmak açısından etkili bir stratejidir.
- Biyoinformatik yaklaşımların katkısıyla; toprak alkaliliği, serbest alüminyum ve demir toksisiteleri için daha fazla tolerans gösteren çeşitlerin geliştirilmesinde ilerleme kaydedilmiştir.



Biyolojik Veri Tabanları

Birincil Veri Tabanları

- Orijinal biyolojik veriyi içerirler.
- Araştırmacılar tarafından sisteme yüklenen işlenmemiş diziler ve yapısal verilerin arşivleridir.
- Başlıca üç farklı erişime açık veri bankası mevcuttur;

1. Japonya DNA Databank (DDBJ)
<https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html>
2. Avrupa Moleküler Biyoloji Laboratuvarı (EMBL) <https://www.embl.de/>
3. Amerikan Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi (NCBI)
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Biological Databases

COVID-19 Information

[Public health information \(CDC\)](#) | [Research information \(NIH\)](#) | [SARS-CoV-2 data \(NCBI\)](#)



UNITE
A new NIH initiative to end structural racism and achieve r

[LEARN MORE](#)

- NCBI Home
- Resource List (A-Z)
- Resources
- Chemicals & Bioassays
- Tools & Software
- Genomics & RNA
- Proteins & Structures
- Genes & Expression
- Genetics & Medicine
- Genomes & Maps
- Technology

Welcome to NCBI

The National Center for Biotechnology Information advances biomedical and genomic information.

[About the NCBI](#) | [Mission](#) | [Organization](#) | [NCBI News & Blog](#)

Submit

Deposit data or manuscripts into NCBI databases



Download

Transfer NCBI data to your computer



COVID-19

[Public health information](#)



- All Databases
- Assembly
- Biocollections
- BioProject
- BioSample
- BioSystems
- Books
- ClinVar
- Conserved Domains
- dbGaP
- dbVar
- Gene
- Genome
- GEO DataSets
- GEO Profiles
- GTR
- HomoloGene
- Identical Protein Groups
- MedGen
- MeSH

NCBI

NCBI Home

Resource List (A-Z)

All Resources

Chemicals & Bioassays

About the NCBI

Search NCBI

HIV



Search

Results found in 33 databases

Literature

Bookshelf	28,688
MeSH	216
NLM Catalog	13,323
PubMed	382,732
PubMed Central	468,075

Genes

Gene	9,874
GEO DataSets	20,297
GEO Profiles	1,310,357
HomoloGene	36
PopSet	7,282

Proteins

Conserved Domains	189
Identical Protein Groups	885,704
Protein	1,679,673
Protein Family Models	922
Structure	4,165

Genomes

Assembly	543
BioCollections	0
BioProject	1,565

Clinical

ClinicalTrials.gov	10,863
ClinVar	299
dbGaP	78

PubChem

BioAssays	34,246
Compounds	195
Pathways	30

- Genlere ait nükleik asit ya da protein dizilerinin gösterimi ve analizi için kullanılan en popüler format FASTA formatıdır.

bZIP [Oryza sativa Indica Group]

GenBank: AAK01315.2

[GenPept](#) [Identical Proteins](#) [Graphics](#)

```
>AAK01315.2 bZIP [Oryza sativa Indica Group]
MGCTASKVEQEDTVRRCKERRRHMK EAVASRQQLASAHADYLRSLRLTAAALSRFAQGHPSLAVSHHTAP
VLLTTAAPALAPTPTPPPPSSTASSSLPPPTPLLPKHQQAPPPPPPTQSHQPPPPVAVRAPRGGPRRLKV
PHILSDSSVASPARSSFRKPVVGT PSSSSANDWENFYPPSPDSEFFDRRKADLEEANRLRELEEEKAR
GYLHPHHLKEEDEVDDEEERE EEMHCGGWEDDDDHYASTTTSETRSEEGEMGNRSECGFAARSEYGGTA
PSEYAAAPLPLPLRRRDERSEAGDSSSTVTAAAEMRMVIRHRTLAEIVAAIEEYFVKAAEAGNGVSELLE
ASRAQLDRNFRQLKKT VYHSNLSLSSTWTSKPPLAVRYKLDTNAL EMESMEGKSHGSTLERLLAWEK
KLYQEVKARES VKIEHEK LSTLQSLEYRGRDSTKLDKTKASINKLQSLIIVTSQAATTTSSAIVRVRDN
ELAPQLVELCFALLSMWRSMNHFHEIQNEIVQQVRGLVDNSMAESTSDLHRLATRDLEAAVSAWHSNFNR
LIKYQRDYIRALYGWLKLT L FQVDSNIPQEAYTSLISRELTTFCDEWKQALDRLPDASASEAIKSFVNVV
HVIYTKQAEEMKIKKRTETYSKELEKKTNSLRAIEKKYYQSYSMVGLGLPGSGRDGIESHSFDARDPLAE
KKTEIAQCRRKVEDEMTRHAKAVEVTRSMTLNNIQTGLPGMFQAIAGFSGTVVEALDVVCRRAGSVR
```

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. [Learn more](#)

**N
E
W
S**

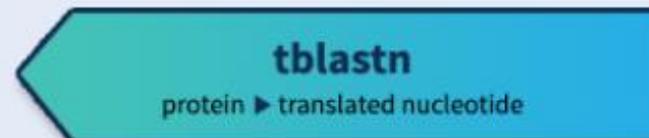
BLAST+ 2.12.0 is here!

We have made some improvements to how BLAST multi-threads and the amount of memory required by makeblastdb.

Tue, 13 Jul 2021 12:00:00 EST

[More BLAST news...](#)

Web BLAST



Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download

New Select columns

Show

100



select all 100 sequences selected

GenPept

Graphics

Distance tree of results

Multiple alignment

New MSA Viewer

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	nitrate regulatory gene2 protein [Oryza sativa Japonica Group]	Oryza sativa Japonica Group	1582	1582	100%	0.0	100.00%	767	XP_015612957.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein Osl_34661 [Oryza sativa Indica Group]	Oryza sativa Indica Group	1577	1577	100%	0.0	99.61%	767	EAY79532.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein C2845_PM01G21610 [Panicum miliaceum]	Panicum miliaceum	1334	1334	100%	0.0	86.80%	782	RLN41237.1
<input checked="" type="checkbox"/>	protein ROLLING AND ERECT LEAF 2 [Oryza brachyantha]	Oryza brachyantha	1326	1326	100%	0.0	90.08%	780	XP_015697082.2
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein C2845_PM02G19890 [Panicum miliaceum]	Panicum miliaceum	1318	1318	100%	0.0	86.55%	783	RLN16958.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein E2562_006163 [Oryza meyeriana var. granulata]	Oryza meyeriana var. granulata	1317	1317	100%	0.0	93.14%	767	KAF0928744.1
<input checked="" type="checkbox"/>	protein ROLLING AND ERECT LEAF 2-like [Panicum virgatum]	Panicum virgatum	1317	1317	100%	0.0	86.79%	781	XP_039826276.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein GQ55_9G396300 [Panicum hallii var. hallii]	Panicum hallii var. hallii	1316	1316	100%	0.0	86.55%	783	PUZ40084.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein GUJ93_ZPchr0012g19843 [Zizania palustris]	Zizania palustris	1315	1315	100%	0.0	88.42%	763	KAG8092572.1
<input checked="" type="checkbox"/>	protein ROLLING AND ERECT LEAF 2 [Setaria viridis]	Setaria viridis	1314	1314	100%	0.0	86.55%	783	XP_034575608.1
<input checked="" type="checkbox"/>	protein ROLLING AND ERECT LEAF 2 [Panicum virgatum]	Panicum virgatum	1310	1310	100%	0.0	86.57%	781	XP_039785159.1
<input checked="" type="checkbox"/>	nitrate regulatory gene2 protein-like [Panicum hallii]	Panicum hallii	1309	1309	100%	0.0	86.29%	782	XP_025792555.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein CFC21_011919 [Triticum aestivum]	Triticum aestivum	1293	1293	100%	0.0	85.88%	771	KAF6995415.1
<input checked="" type="checkbox"/>	hypothetical protein U1200_048600 [Digitaria ovata]	Digitaria ovata	1287	1287	100%	0.0	85.48%	784	KAF59738440.1



Explore Search

Research Services Training Jobs About

Exploring the secrets of life

Europe-wide, global impact, infinite curiosity. The European Molecular Biology Laboratory is a powerhouse of biological expertise.

With 27 member states, EMBL currently employs 1800 people with more than 80 independent research groups covering the spectrum of molecular biology at six sites in Barcelona, Grenoble, Hamburg, Heidelberg, EMBL-EBI Hinxton and Rome.

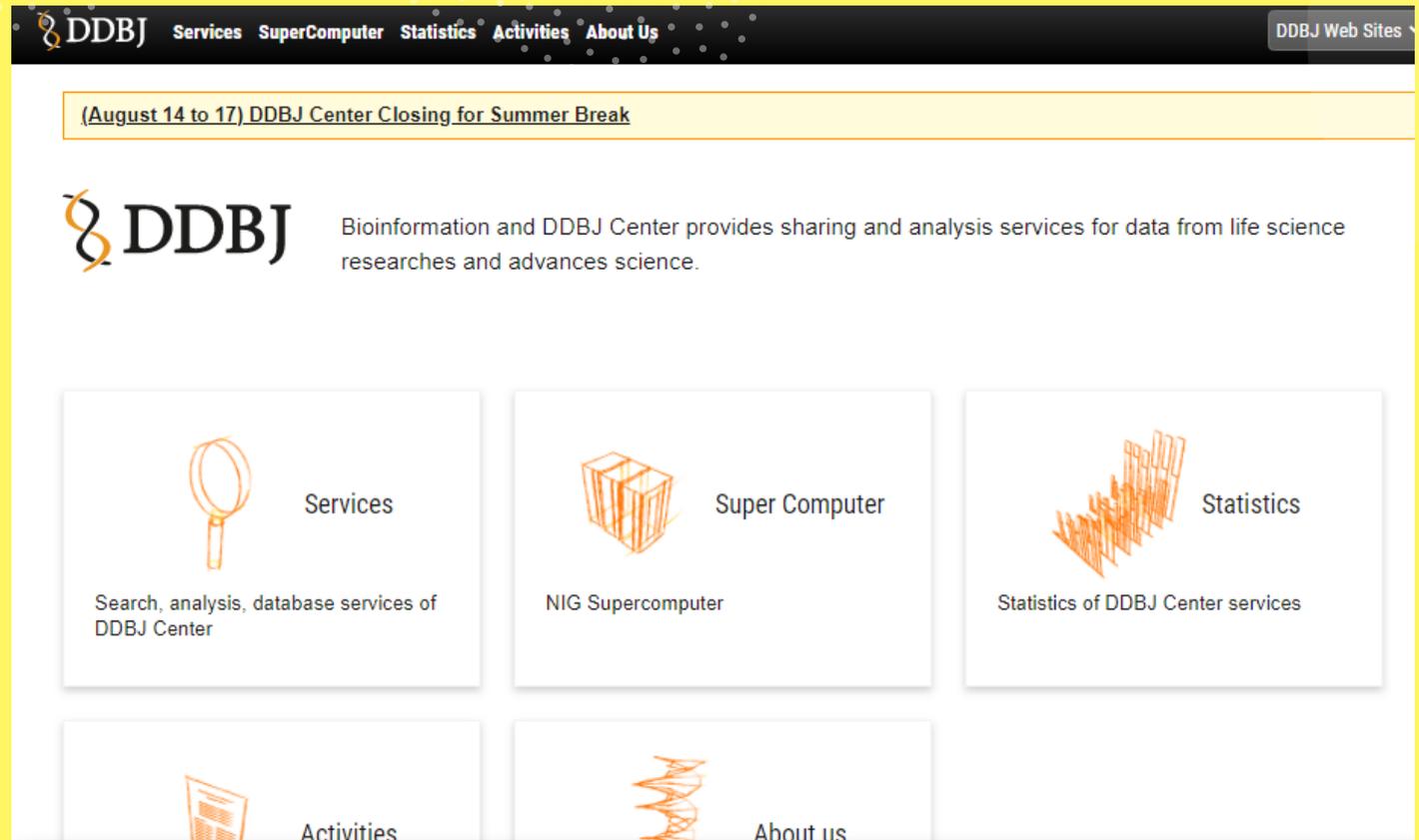


[Latest updates from EMBL's six sites](#) →

Avrupa Moleküler Biyoloji Laboratuvarı (EMBL)

- EMBL 5 farklı üiteden oluşmaktadır;
- Almanya (2)
- İngiltere
- Fransa
- İtalya

Japonya DNA Databank (DDBJ)



The screenshot shows the DDBJ website homepage. At the top, there is a navigation bar with the DDBJ logo and links for Services, SuperComputer, Statistics, Activities, and About Us. A dropdown menu for 'DDBJ Web Sites' is visible on the right. Below the navigation bar, a yellow banner contains the text '(August 14 to 17) DDBJ Center Closing for Summer Break'. The main content area features the DDBJ logo and a description: 'Bioinformation and DDBJ Center provides sharing and analysis services for data from life science researches and advances science.' Below this, there are five service tiles arranged in two rows. The first row contains 'Services' (with a magnifying glass icon), 'Super Computer' (with a server rack icon), and 'Statistics' (with a bar chart icon). The second row contains 'Activities' (with a newspaper icon) and 'About us' (with a DNA double helix icon). Each tile includes a brief description of the service.

DDBJ Services SuperComputer Statistics Activities About Us DDBJ Web Sites

(August 14 to 17) DDBJ Center Closing for Summer Break

DDBJ Bioinformation and DDBJ Center provides sharing and analysis services for data from life science researches and advances science.

- Services**
Search, analysis, database services of DDBJ Center
- Super Computer**
NIG Supercomputer
- Statistics**
Statistics of DDBJ Center services
- Activities**
- About us**

İkincil Veri Tabanları

Birincil veri tabanlarında dizilerin fonksiyonel bilgileri genellikle minimum düzeydedir.

İşlenmemiş dizi bilgisini daha ileri düzeyde biyolojik bilgiye çevirmek için dizinin bazı işlemlerden geçirilmesi gerekmektedir.

Expasy
Swiss Bioinformatics Resource Portal

e.g. [BLAST](#), [UniProt](#), [MSH6](#), [Albumin](#)...

- Genes & Genomes
 - Genomics
 - Metagenomics
 - Transcriptomics
- Proteins & Proteomes
- Evolution & Phylogeny
 - Evolution biology

SIB Resources ⓘ

 UniProtKB/Swiss-Prot Protein knowledgebase	 Bgee Gene expression expertise	 SwissRegulon Portal Tools and data for regulatory genomics	 SwissLipids Knowledge resource for lipids
 STRING Protein-protein interaction	 neXtProt Human protein knowledgebase	 EPD Eukaryotic Promoter Database	 V-pipe Viral genomics pipeline

Expasy

Swiss Bioinformatics Resource Portal



e.g. [BLAST](#), [UniProt](#), [MSHG](#), [Albumin](#)...

-  **Genes & Genomes**
- Genomics
- Metagenomics
- Transcriptomics

SIB Resources



SwissRegulon Portal

SwissLipids

Özelleşmiş Veri Tabanları

Belli bir organizmaya veya özel bir araştırma konusuna ait bilgileri barındıran veri tabanları 'özelleşmiş veri tabanları' olarak adlandırılır.

Bu veri tabanlarındaki bilgi; belli bir organizmaya ait dizi verilerini, proteinleri, belirteçleri, biyokimyasal yolları ve ürünleri, genom haritalarını, gen ifadesi analiz bilgilerini içerebilir.

Özelleşmiş Veri Tabanları Konularına Göre;



NÜKLEİK ASİT DİZİ VE
YAPISI, TRANSKRİPSİYONEL
DÜZENLENME



PROTEİN DİZİSİ VE YAPISI



METABOLİK VE SİNYAL
YOLAKLARI, PROTEİN-
PROTEİN ETKİLEŞİMLERİ



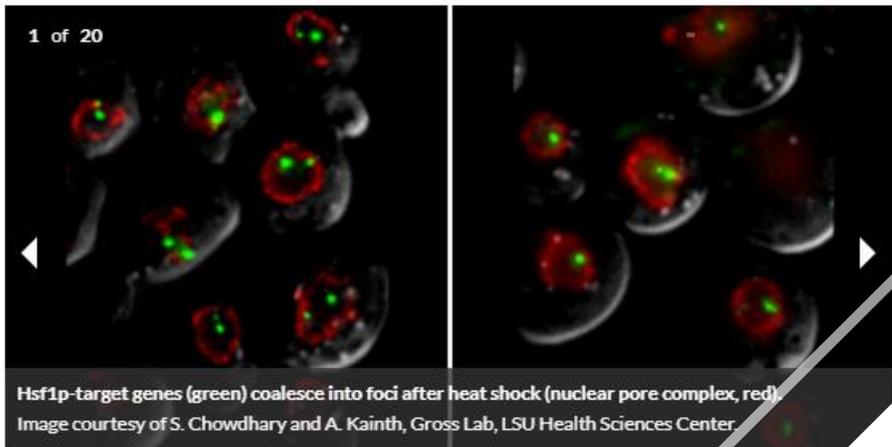
VİRÜS, BAKTERİ,
PROTOZOA VE MANTAR
GENOMİĞİ



İNSAN HASTALIKLARI VE
İLAÇLAR



BİTKİLER



About SGD

The *Saccharomyces* Gen
integrated biological
cerevisiae along
the discovery
in fungi ar

The Arabidopsis Information Resource

From Bench to Bountiful Harvests

Multinational Arabidopsis Steering Committee
(MASC)

Annual Report 2020/2021

Breaking News

2020-21 MASC Report
available online!
[Jul 23, 2021]
The latest annual report of the
Multinational Arabidopsis
Steering Committee
(MASC) contains recent
updates from the Arabidopsis
research community. Download
the 2021 report [here](#).

See you at the ASPB 2021
Worldwide Summit
[Jul 9, 2021]
We are looking forward to
seeing you at the ASPB
Worldwide Summit July 19-23.
Attend the Plant
Bioinformatics workshop and
learn more about PhyloGenes
or visit us at the AgBioData
booth to see lots of great
resources including TAIR.

27th public release of
TAIR@Phoenix data

Would you like to get involved in the improvement of your favorite website?
Join the [FlyBase Community Advisory Group!](#)

FB2021_03, released June 15, 2021

A Database of *Drosophila* Genes & Genomes



[Change Current Database](#)

Current Database: *Escherichia coli* K-12 substr. MG1655 reference genome (EcoCyc)

Search in Current Database:

[Genome Browser](#) | [Metabolic Map](#)

Current K-12 MG1655

E. coli strain databases are available via the "Change
Database" button above. They are less curated than EcoCyc but
use our website tools, from Omics Dashboard to metabolic route



EcoCyc *E. coli* Database

EcoCyc is a scientific database for the bacterium *Escherichia coli* K-12
MG1655. The EcoCyc project performs literature-based curation of its
genome, and of transcriptional regulation, transporters, and metabolic
pathways.

Özelleşmiş Veri Tabanları

FlyBaseDotOrg
@FlyBaseDotOrg
We've added a #FlyBaseTweertorial help doc to our help
wiki. It includes all relevant hashtags, with search
instructions. From the FlyBase toolbar, pick Help>Help
Index, then click on 'All Tutorials'.
#FlyBaseHelpResources



Community Species About Help Archives

JBrowse Resources RNA-Seq Vocabularies ID Validator Batch Download

Antibodies, CRISPR, cDNAs, Stocks, RNAi, Orthologs

ON RNA-Seq OFF

GO PHENOTYPE ANATOMY DISEASE MORE

FIELD DATA X M L sequence

Please pay your YEARLY website access fee! (annual renewal)
THANK YOU TO THOSE WHO HAVE ALREADY HEL

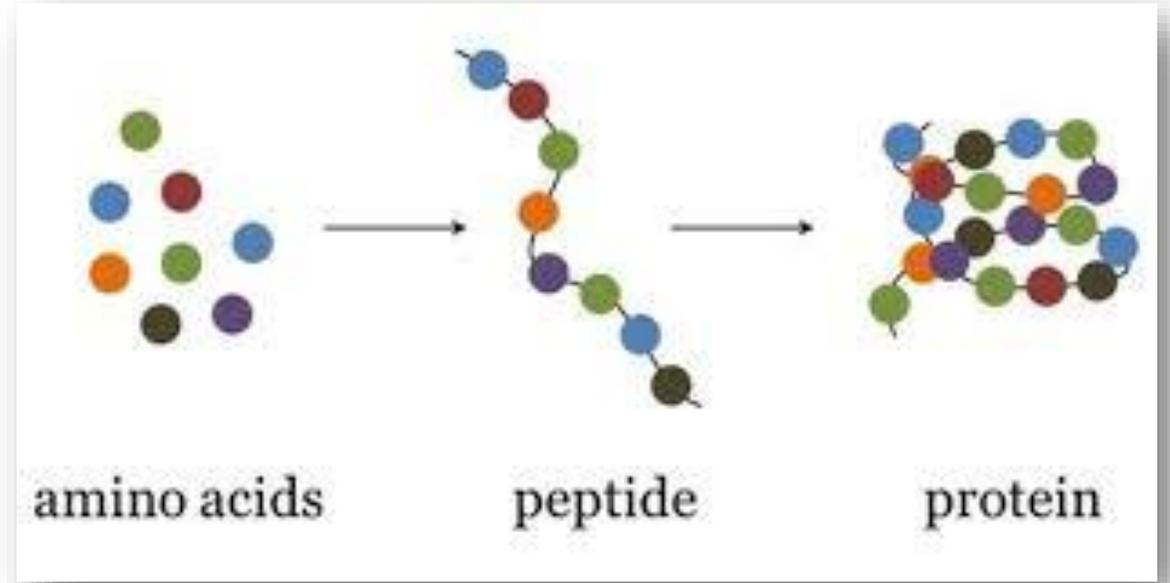
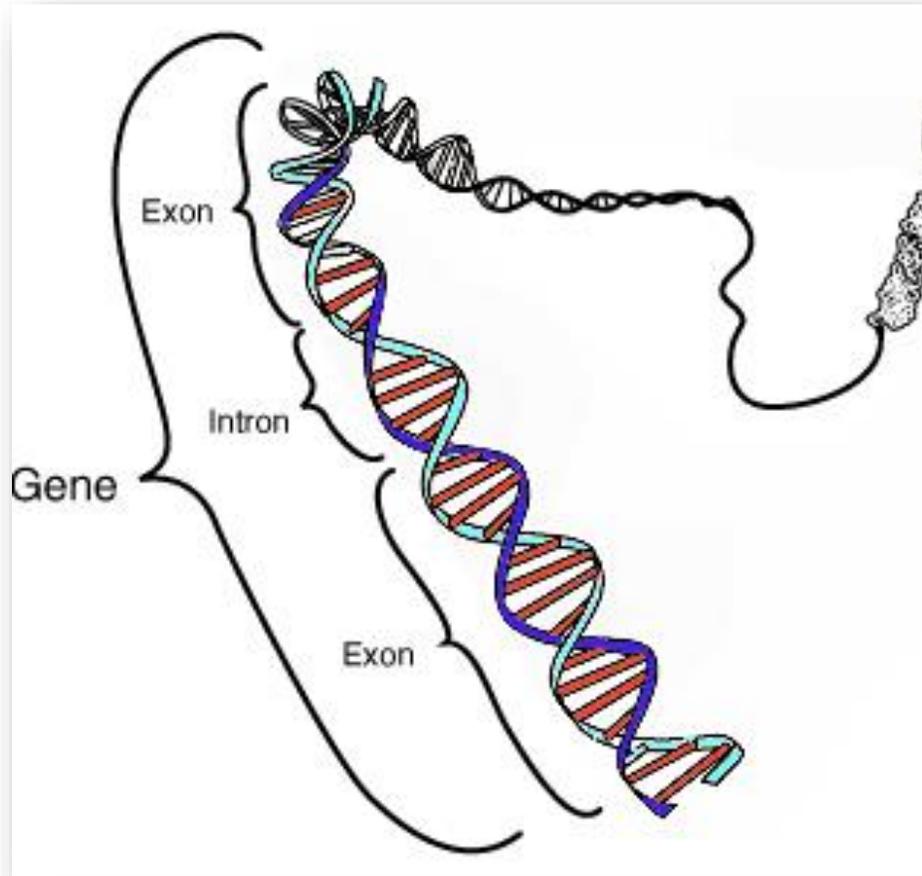
The NHGRI is reducing the funding of FlyBase by 20-25% (normalized to 30-35%). These cuts will make it difficult
to maintain our website and tools. We are calling on you to help with a **FlyBase website access fee PER person / PER year**.

Questions? See this [FAQ](#) or [email us](#). Optional general tax-deductible contributions [here](#).

ALL countries	\$150.00	Commercial	\$750.00	Institutional Rate (covering several lab
---------------	----------	------------	----------	--

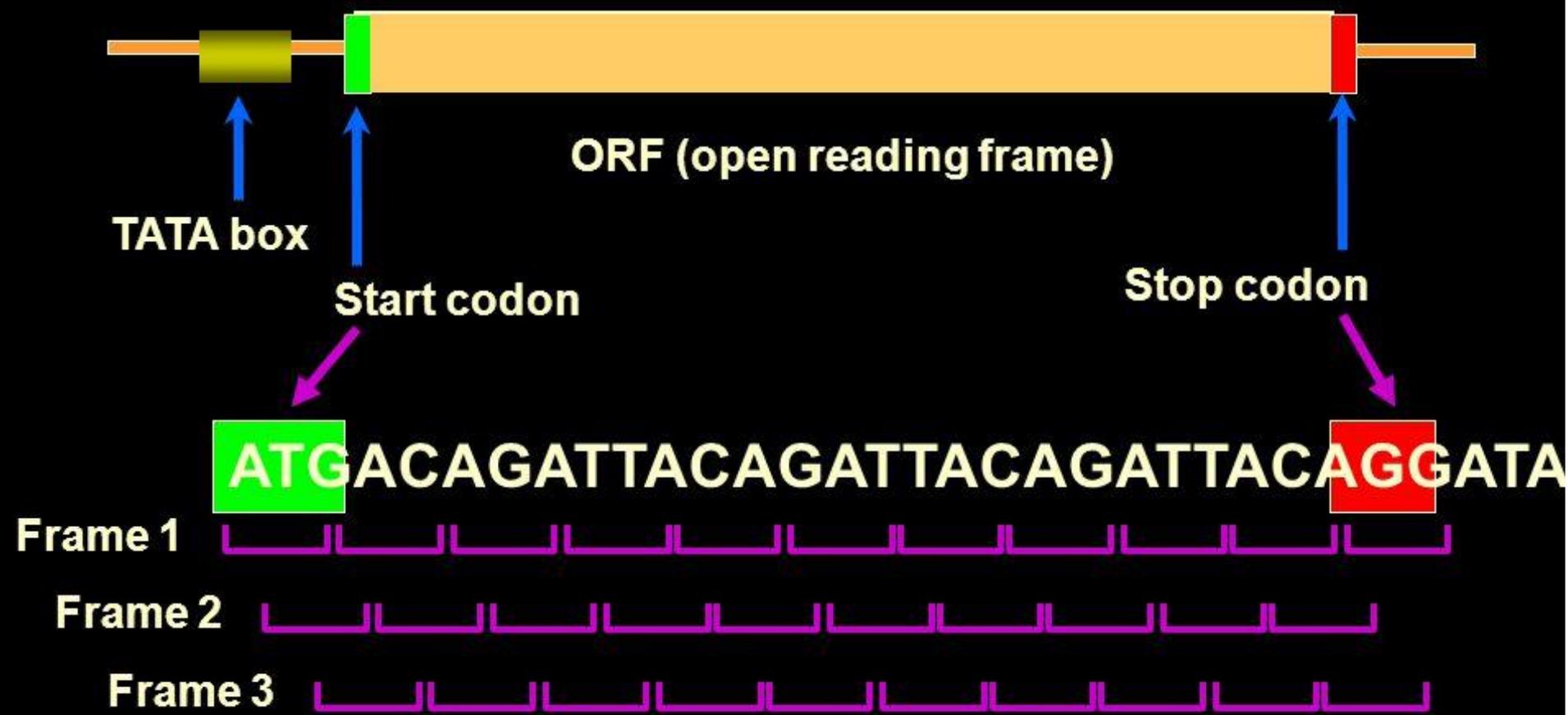
PLEASE COMPLETE THIS **FORM** to sign up to pay fee. (Qualtrics external link)

QuickSearch



Gen ve Promotör Bölgelerinin Analizleri

Prokaryotic gene structure

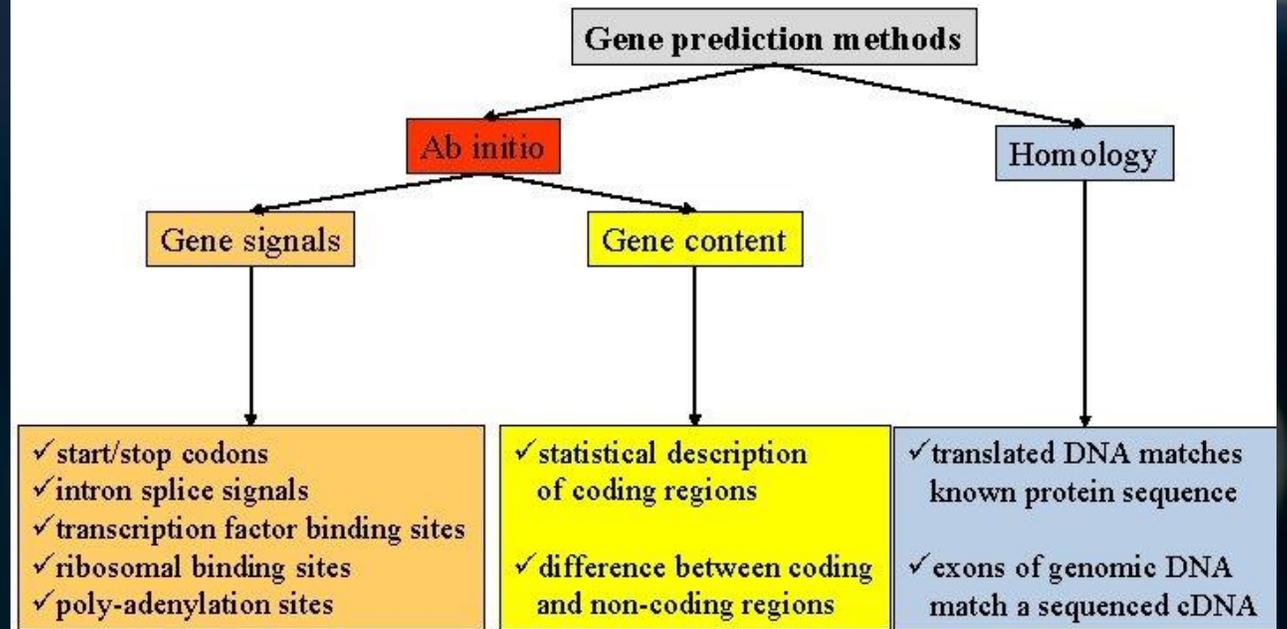


Gen Tahmininde Kullanılan Yöntemler

Ab initio

Homoloji
(empirik)

Categories of gene prediction programs

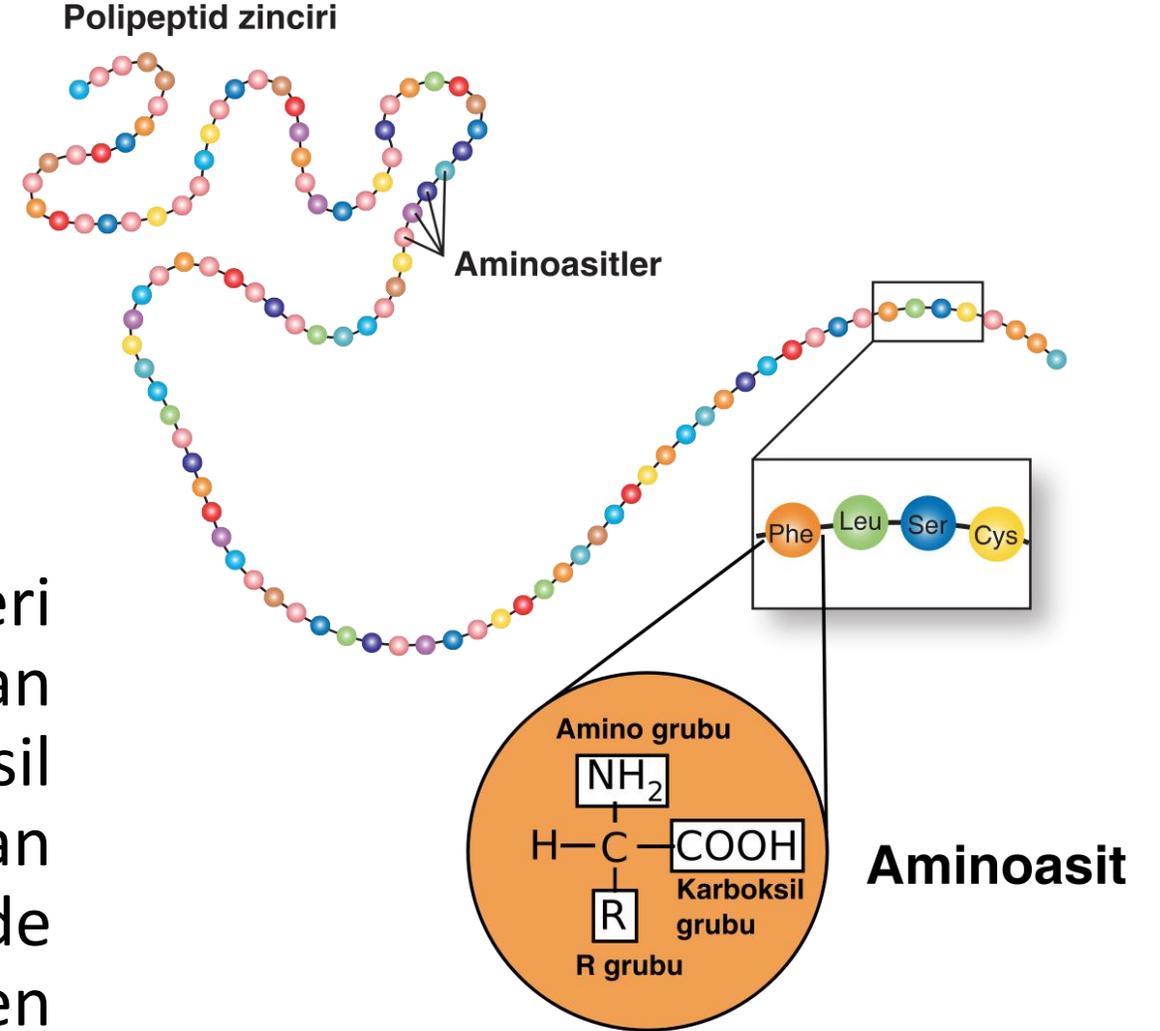


Intrinsic methods: without reference to known sequences

Extrinsic methods: with reference to known sequences

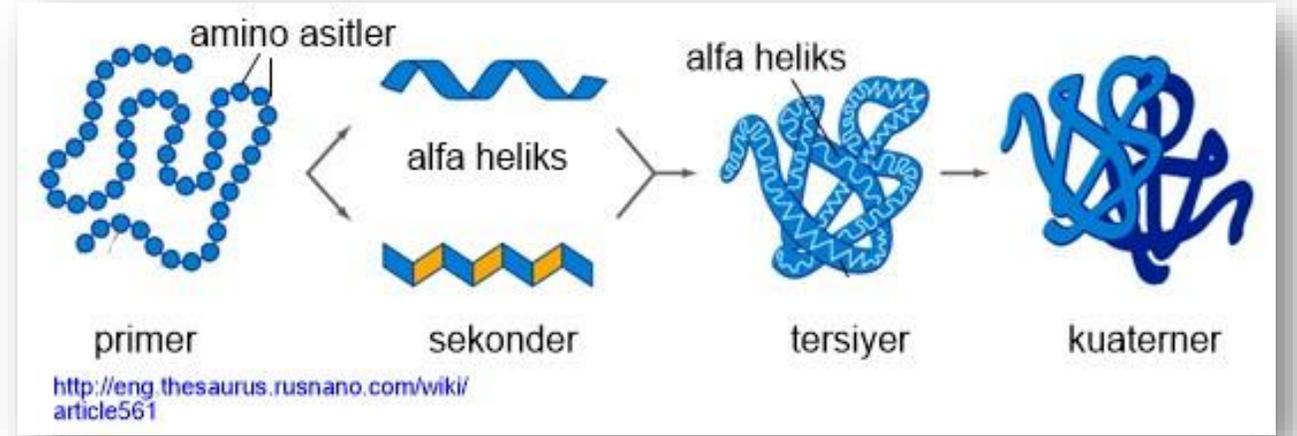
Protein Yapı Analizleri

- Protein, peptid, ve enzimleri oluşturan en küçük yapı taşı olan amino asitler, bir ucunda karboksil diğer ucunda amino grubu bulunan ve sahip olduğu yan zincirlerde nötral, polar ya da iyonlaşabilen gruplar taşıyan küçük yapılardır.



Proteinlerin Üç Boyutlu Yapısı

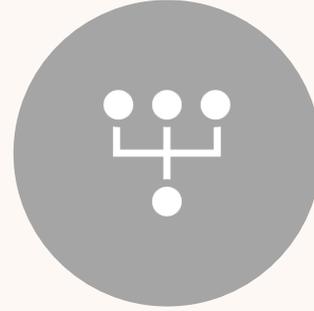
- Proteinlerin doğru çalışması için yapısal özelliklerini belirleyen üç boyutlu yapının katlanma ile doğru olarak hatasız bir şekilde oluşması gerekir.



Protein Yapısı Dört Seviyede İncelenir:



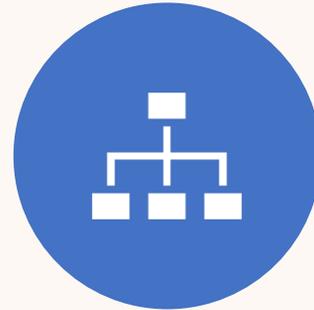
Birincil (primer) yapı: Bu seviyede sadece polipeptid zincirini oluşturan amino asitlerin amino ucundan karboksil ucuna doğru dizisi incelenir.



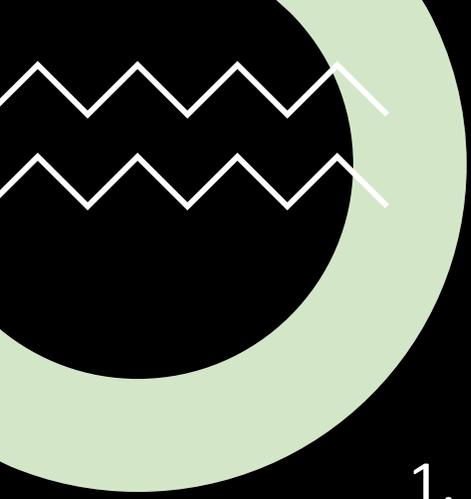
İkincil (sekonder) yapı: Bu seviyede düzenli alt yapılar bulunmaktadır.



Üçüncül (teriyer) yapı: bu seviyede her bir polipeptid zincirinin katlanması ile oluşan yapılar söz konusudur.

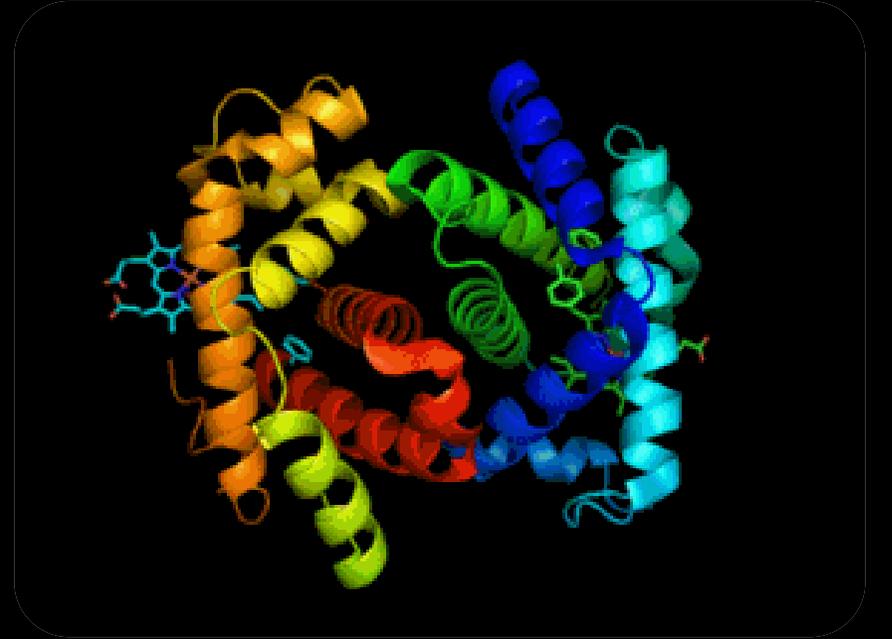


Dördüncü (kuarterner) yapı: Birkaç protein veya polipeptid zincirinin bir araya gelmesiyle oluşan yapılardır.



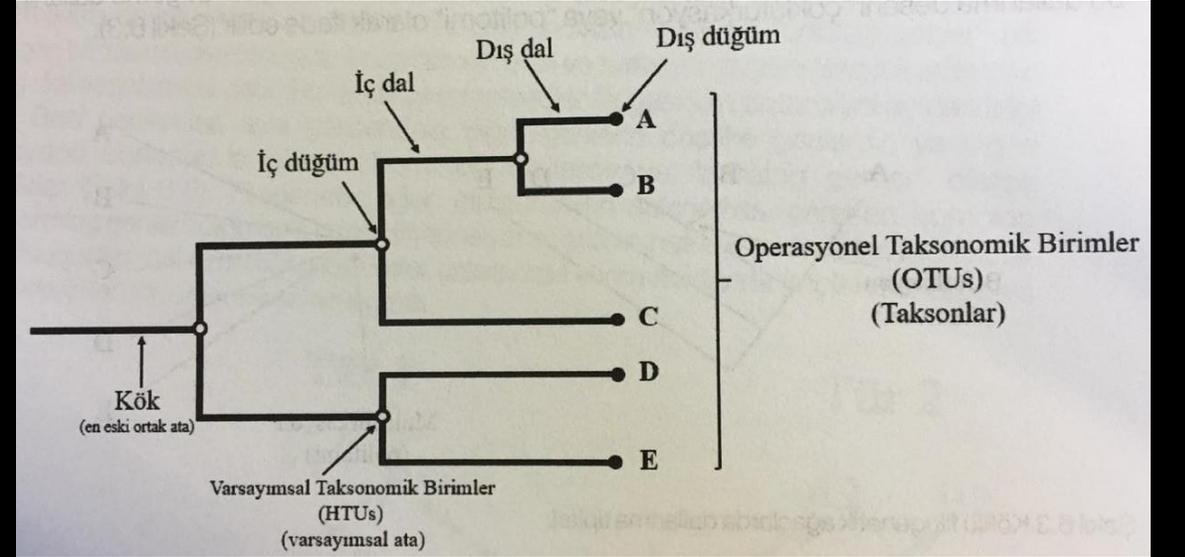
Proteinlerin 3 Boyutlu Modellenmesi

1. Ab Initio Yöntemler
2. Homoloji Modellemesi
(Benzetme Yoluyla Modelleme)
3. Giydirme Yoluyla Modelleme
4. Küçük Parçalardan Bütünleyerek Modelleme
5. Kuantum Mekaniksel Yöntemler



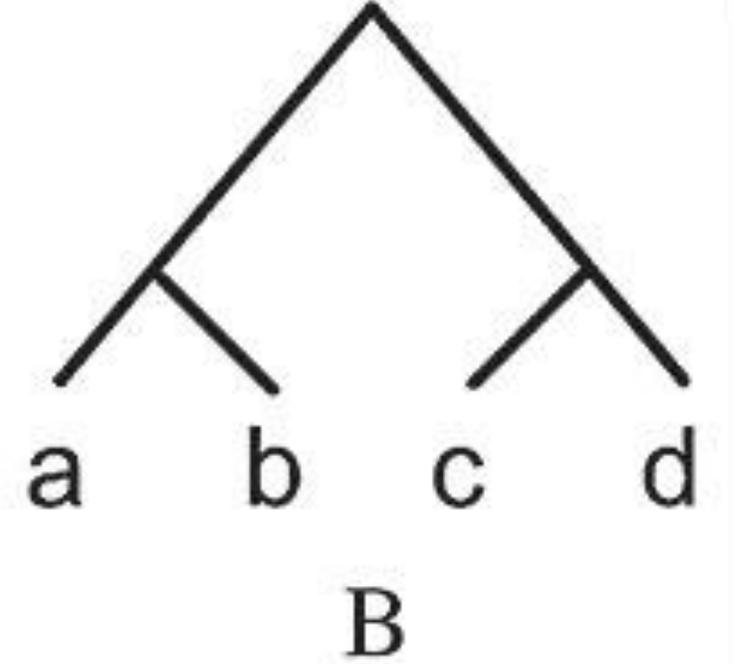
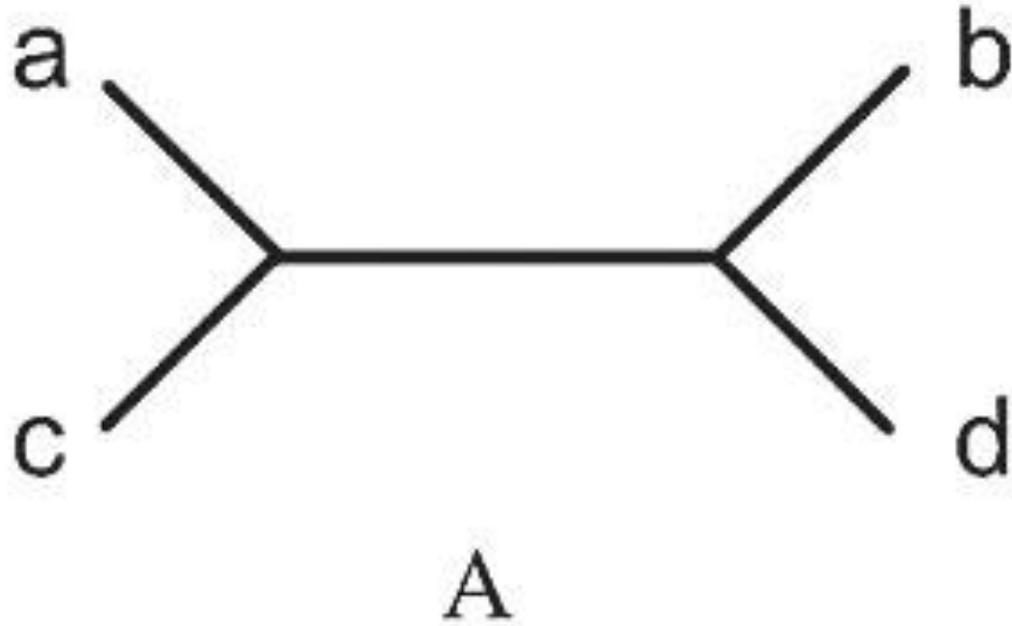
Moleküler Filogenetik Analizler

- Filogeni; dallarla bağlanmış düğümler içeren ağaç benzeri bir diyagramdır.
- Büyük taksonlar arasındaki akrabalık ilişkilerini göstermek üzere geliştirilmiştir.



Filogenetik Ağaç Formları

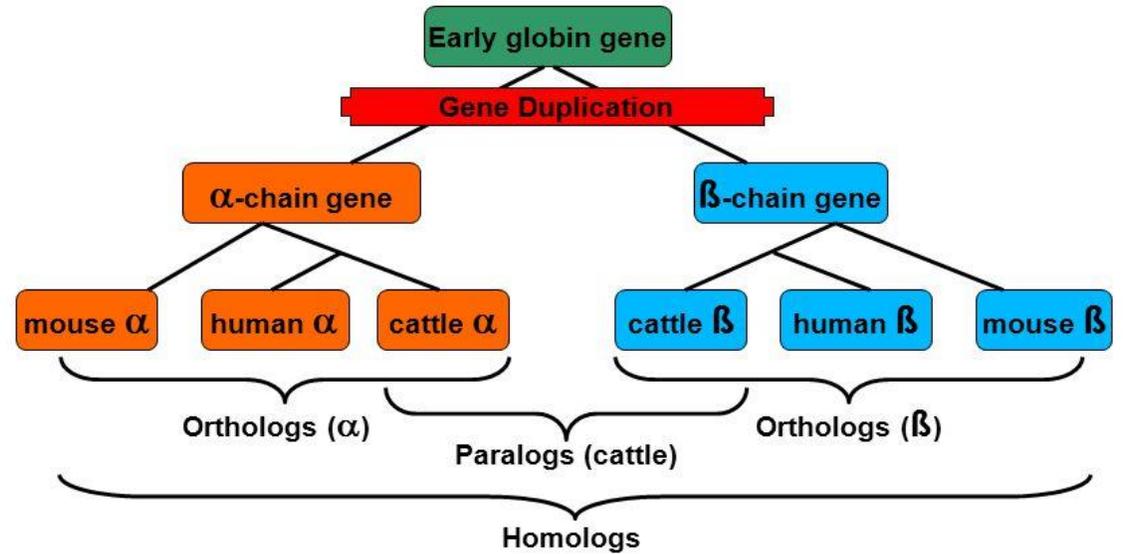
- Köksüz bir ağaç organizma ya da dizilerin ortak atası hakkında bilgi vermez. **(A)**
- Evrimsel bir yoldan ya da ortak bir atadan bahsedilmek isteniyorsa filogenetik ağaç köklü olarak çizilmelidir. **(B)**



Moleküler Filogenetik Analizler

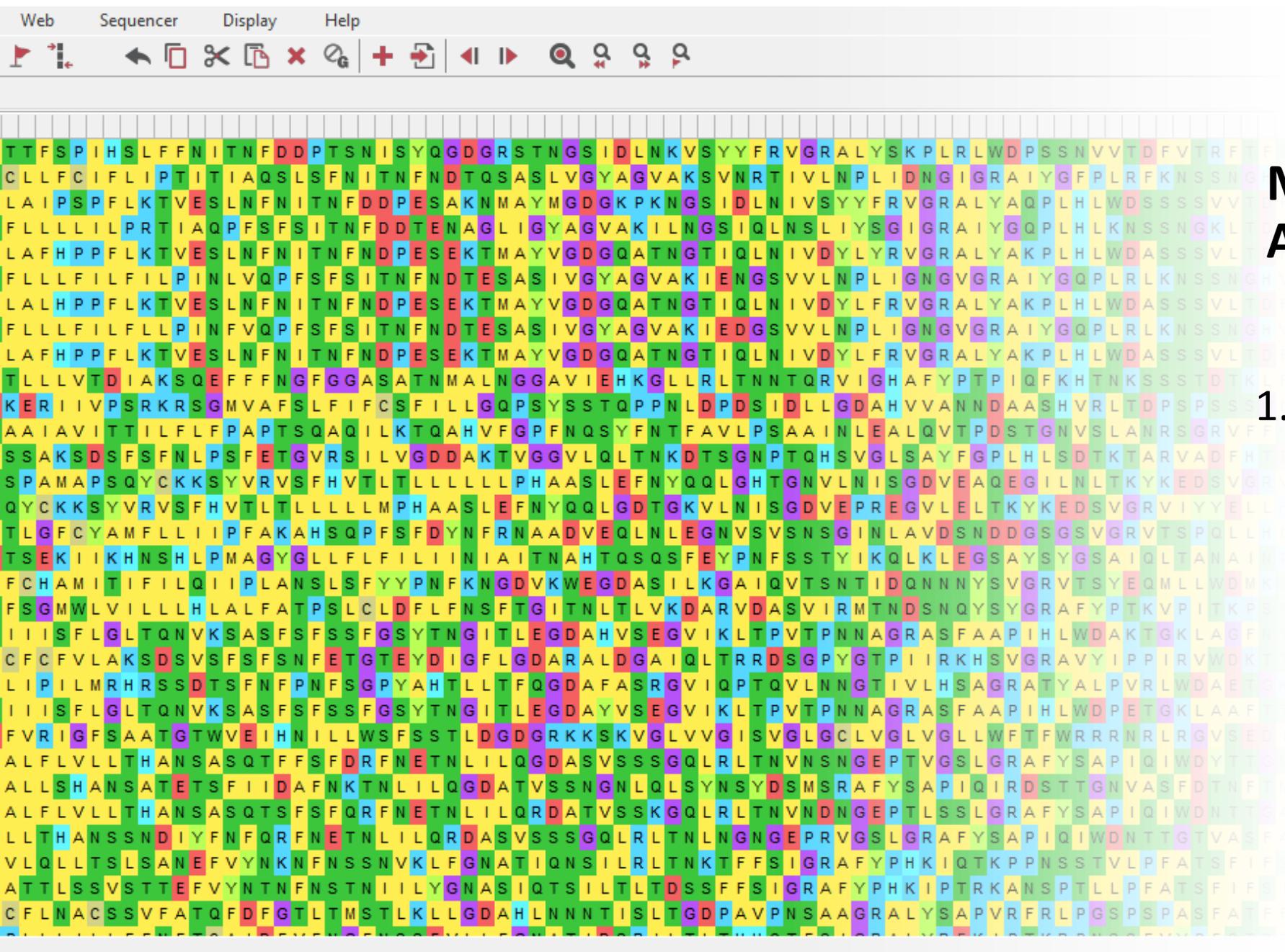
- Ortolog
- Paralog
- Zenolog

Orthologous or paralogous homologs?



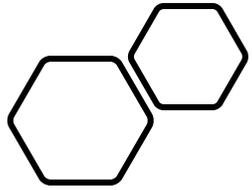
Orthologs – diverged only after speciation – *tend to have similar function*

Paralogs – diverged after gene duplication – *some functional divergence occurs*



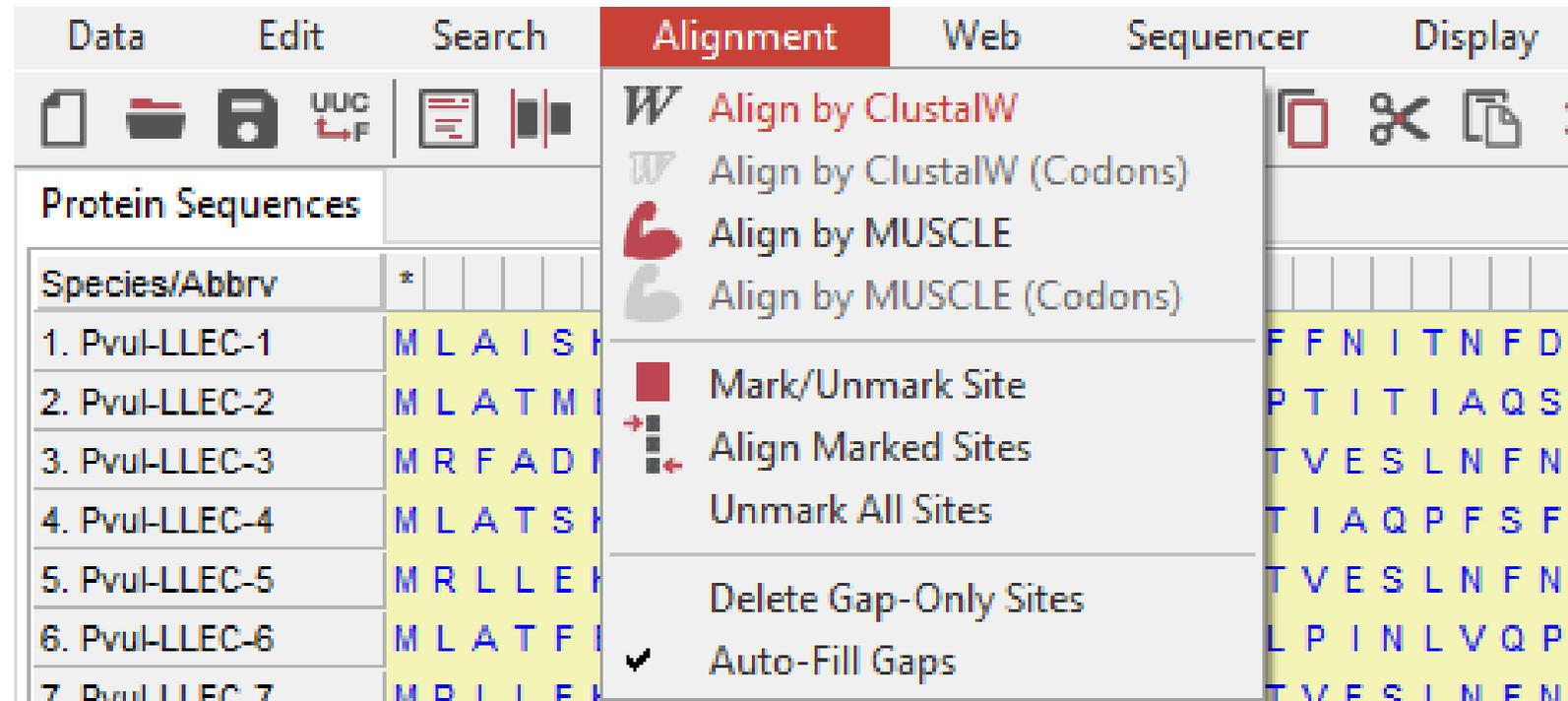
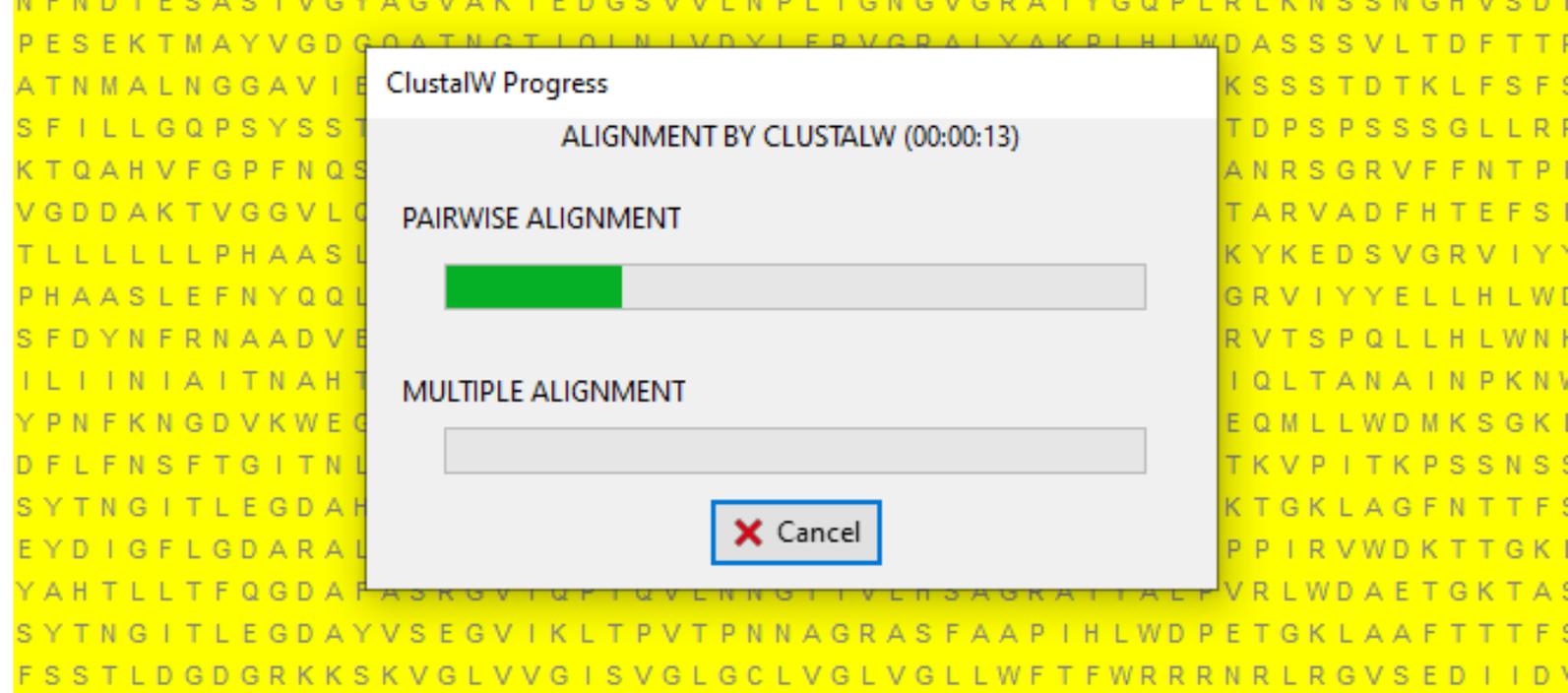
Moleküler Filogenetik Analiz Basamakları

1. Analiz için gerekli dizi verilerini toplama



Moleküler Filogenetik Analiz Basamakları

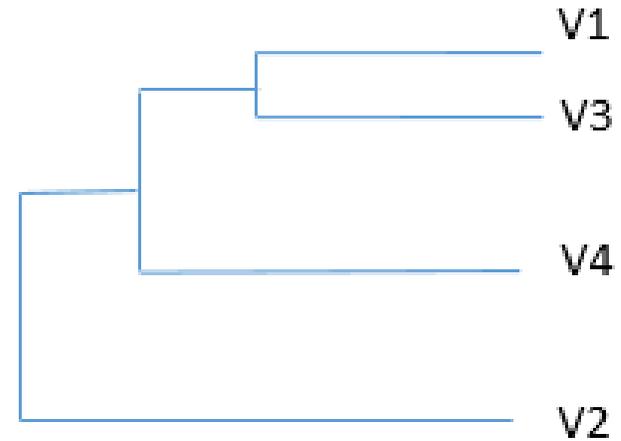
2. Dizi hizalama



Moleküler Filogenetik Analiz Basamakları

- 2. Dizi hizalama

	V1	V2	V3	V4
V1	-			
V2	17	-		
V3	87	28	-	
V4	59	33	62	-



Genetics Analysis

elp

MODELS DISTANCE DIVERSITY RATES CLOCKS DISEASE

Construct/Test Maximum Likelihood Tree...
Construct/Test Neighbor-Joining Tree...
Construct/Test Minimum-Evolution Tree...
Construct/Test UPGMA Tree...
Construct/Test Maximum Parsimony Tree(s)
Open Tree Session

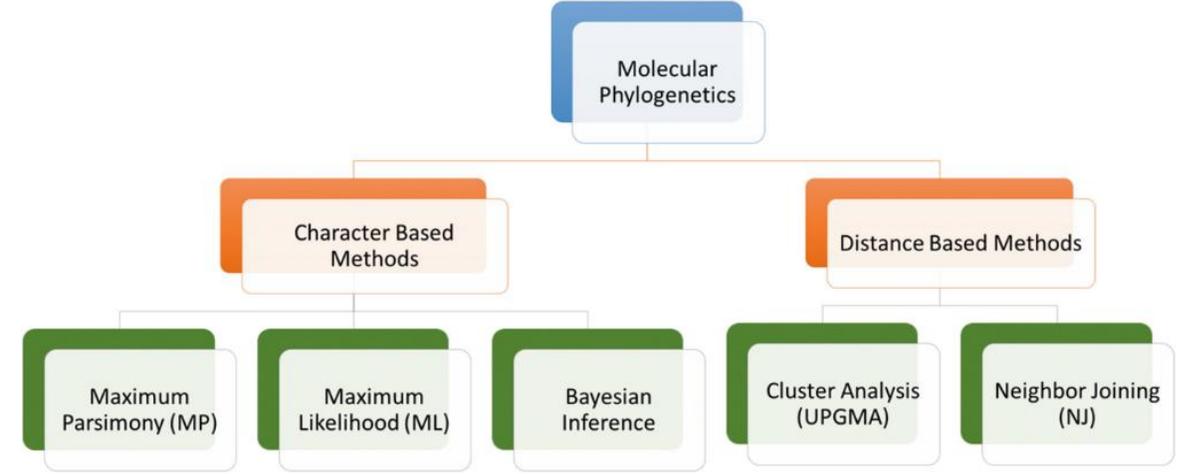
NEXUS

TIMETREE

DATAMONKEY

This is a DEVELOPMENT release which is intended solely for testing.
Please DO NOT use results generated in publications.
This release expires on: Mart 1, 2021.
While testing, please click the 'Submit Feedback' link below to report bugs
and provide feedback regarding this version of MEGA

[Submit Test Feedback](#)



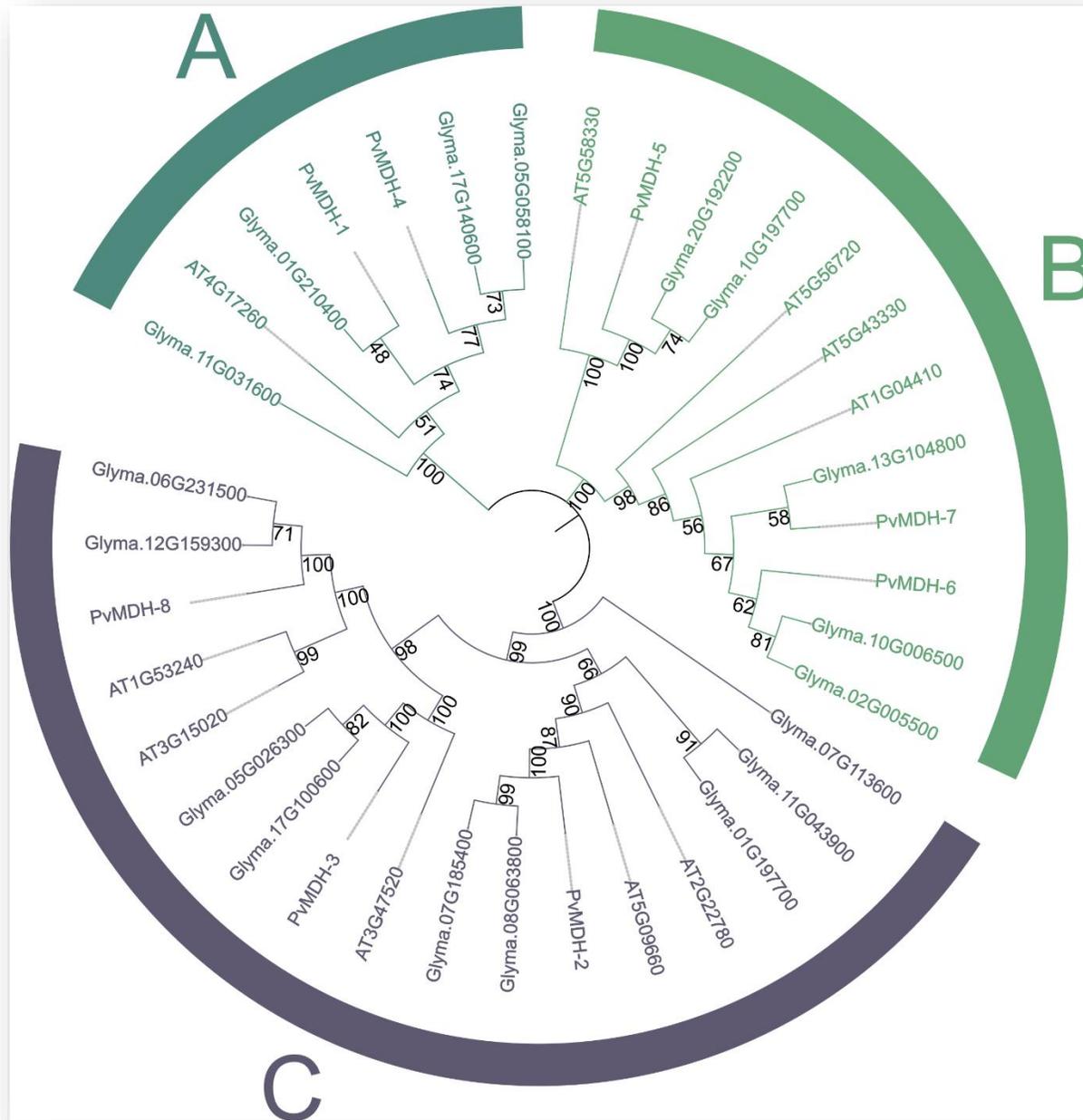
Moleküler Filogenetik Analiz Basamakları

3. Uygun metodun seçimi
4. En iyi ağacın belirlenmesi

Moleküler Filogenetik Analiz Basamakları

5. Ağacın yorumlanması

- Ağaç şeklinin geçerliliği
- Evrimsel uzaklık (mesafe)
- Her iç dalın geçerliliği



3 farklı türde bulunan MDH genlerine ait filogenetik ağaç



Identification and Characterization of *SRS* Genes in *Phaseolus vulgaris* Genome and Their Responses Under Salt Stress

İlker Büyük¹ · Aybüke Okay¹ · Sümer Aras¹

Received: 11 February 2021 / Accepted: 6 July 2021
 © The Author(s), under exclusive licence to Springer Science+Business Media, LLC, part of Springer Nature 2021

Table 1. A catalog of *Phaseolus vulgaris* *SRS* proteins.

ID	Genomic Database Identifier	Physical position on <i>P. vulgaris</i> genome			Protein length (aa)	pI	Molecular weight (Da)	Instability index	Stable or unstable	GRAVY	Aliphatic index	NCBI Accession No.	Subcellular Localization
		Chr	Start position (bp)	End Position (bp)									
Pvul-SRS-1	Phvul.001G009800.1	1	745,648	747,517	333	7.58	36016.48	53.50	unstable	-0.721	44.32	XP_007160701.1	nucl: 14
Pvul-SRS-2	Phvul.002G166700.1	2	32,187,166	32,189,997	320	6.20	34755.12	67.92	unstable	-0.780	49.94	XP_007158606.1	nucl: 14
Pvul-SRS-3	Phvul.003G258100.1	3	49,744,203	49,747,367	308	6.70	33688.00	57.05	unstable	-0.726	54.16	XP_007156095.1	nucl: 14
Pvul-SRS-4	Phvul.005G026300.1	5	2,392,095	2,394,759	343	7.95	37157.49	38.98	stable	-0.609	62.01	XP_007148931.1	nucl: 12, cyto: 1
Pvul-SRS-5	Phvul.006G030400.1	6	11,652,407	11,656,108	376	6.77	40766.73	47.98	unstable	-0.693	58.27	XP_007146319.1	nucl: 11, cyto: 2
Pvul-SRS-6	Phvul.008G200700.1	8	54,692,797	54,695,445	347	8.55	36659.58	44.27	unstable	-0.582	51.99	XP_007141493.1	nucl: 14
Pvul-SRS-7	Phvul.009G004300.1	9	813,159	814,237	217	8.91	23929.74	58.82	unstable	-0.801	45.35	XP_007135936.1	nucl: 13
Pvul-SRS-8	Phvul.009G013700	9	2,257,554	2,260,297	309	8.48	33443.08	51.44	unstable	-0.637	54.01	XP_007136048.1	nucl: 14
Pvul-SRS-9	Phvul.011G041200.1	11	3,748,783	3,750,042	211	8.61	23763.69	57.87	unstable	-0.714	53.13	XP_007131783.1	nucl: 13
Pvul-SRS-10	Phvul.011G206400.1	11	52,434,964	52,440,240	328	7.65	35249.79	43.29	unstable	-0.660	58.90	XP_007133753.1	nucl: 9, chlo: 2, cyto: 2

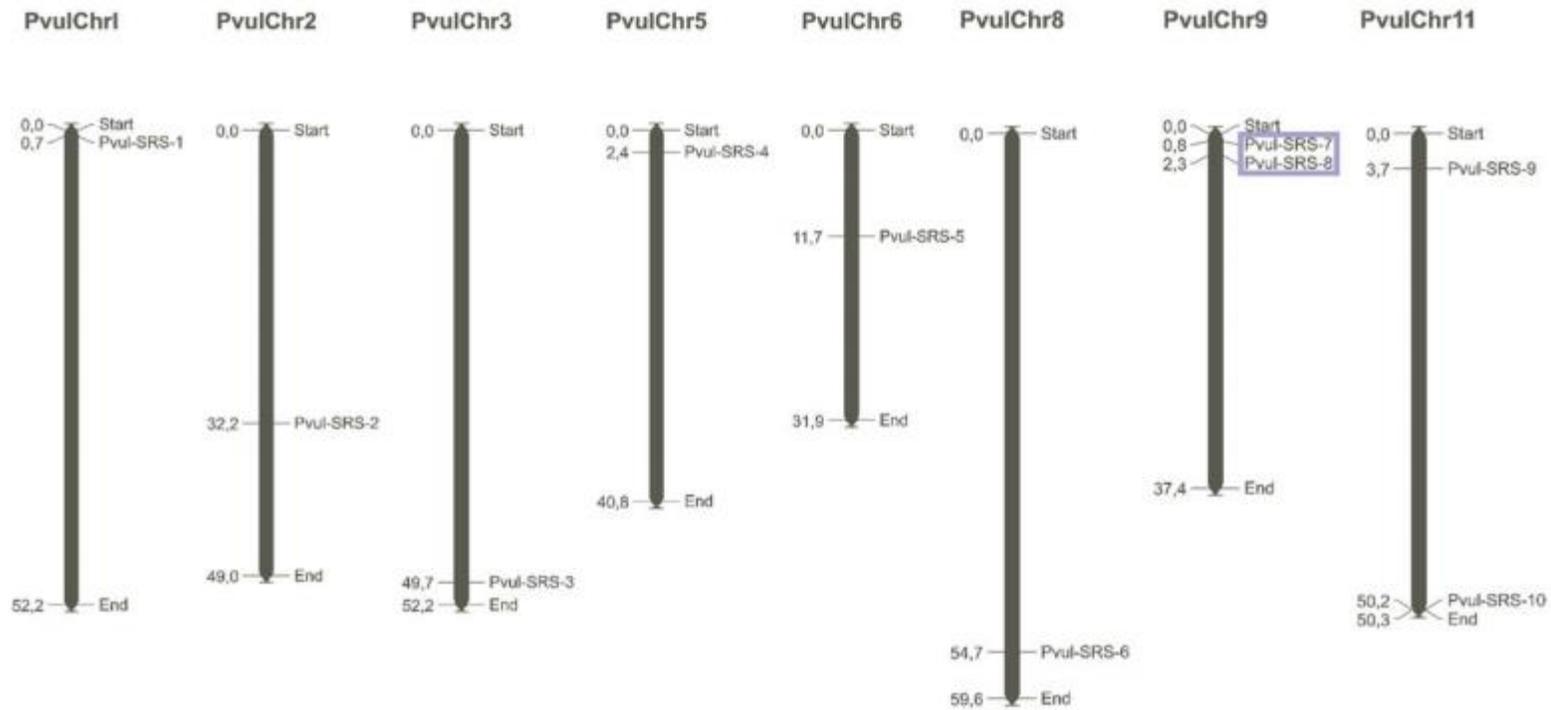


Fig. 1 Chromosomal location of *P. vulgaris* SRS genes. The rectangle with color refers to tandem gene duplication event and segmental duplication events were not shown due to the presence of large number events. Numbers on the left side of chromosomes indicate chromosome position (Color figure online)

Gene 1	Chr	Gene 2	Chr	Ks	Ka	Ka/Ks	MYA	Duplication Type
<i>Pvul-SRS-1</i>	1	<i>Pvul-SRS-2</i>	2	3,9174	0,4037	0,1031	30,13	Segmental
<i>Pvul-SRS-1</i>	1	<i>Pvul-SRS-3</i>	3	4,7012	0,3915	0,0833	36,16	Segmental
<i>Pvul-SRS-1</i>	1	<i>Pvul-SRS-8</i>	9	0,9573	0,248	0,2591	7,36	Segmental
<i>Pvul-SRS-2</i>	2	<i>Pvul-SRS-3</i>	3	1,0301	0,2492	0,2419	7,92	Segmental
<i>Pvul-SRS-2</i>	2	<i>Pvul-SRS-5</i>	6	3,6637	0,6195	0,1691	28,18	Segmental
<i>Pvul-SRS-2</i>	2	<i>Pvul-SRS-6</i>	8	7,7478	0,6318	0,0816	59,59	Segmental
<i>Pvul-SRS-2</i>	2	<i>Pvul-SRS-7</i>	9	10,6193	0,5248	0,0494	81,68	Segmental
<i>Pvul-SRS-2</i>	2	<i>Pvul-SRS-8</i>	9	4,7599	0,4946	0,1039	36,61	Segmental
<i>Pvul-SRS-2</i>	2	<i>Pvul-SRS-9</i>	11	2,7452	0,5479	0,1996	21,11	Segmental
<i>Pvul-SRS-3</i>	3	<i>Pvul-SRS-8</i>	9	2,7144	0,4516	0,1664	20,88	Segmental
<i>Pvul-SRS-4</i>	5	<i>Pvul-SRS-5</i>	6	3,6051	0,5941	0,1648	27,73	Segmental
<i>Pvul-SRS-4</i>	5	<i>Pvul-SRS-6</i>	8	2,6968	0,571	0,2117	20,74	Segmental
<i>Pvul-SRS-4</i>	5	<i>Pvul-SRS-10</i>	11	0,8433	0,2763	0,3276	6,48	Segmental
<i>Pvul-SRS-5</i>	6	<i>Pvul-SRS-6</i>	8	1,2397	0,2288	0,1846	9,53	Segmental
<i>Pvul-SRS-5</i>	6	<i>Pvul-SRS-10</i>	11	9,6187	0,5835	0,0607	73,99	Segmental
<i>Pvul-SRS-6</i>	8	<i>Pvul-SRS-10</i>	11	4,6584	0,5339	0,1146	35,83	Segmental
<i>Pvul-SRS-7</i>	9	<i>Pvul-SRS-8</i>	9	2,1075	0,4681	0,2221	16,21	Segmental
<i>Pvul-SRS-7</i>	9	<i>Pvul-SRS-9</i>	11	1,0861	0,3095	0,285	8,35	Segmental
<i>Pvul-SRS-7</i>	9	<i>Pvul-SRS-8</i>	9	2,1075	0,4681	0,2221	16,21	Tandem

Ka non-synonymous divergence value, *Ks* synonymous divergence value, *Ka/Ks* rate of change, *MYA* Million years ago

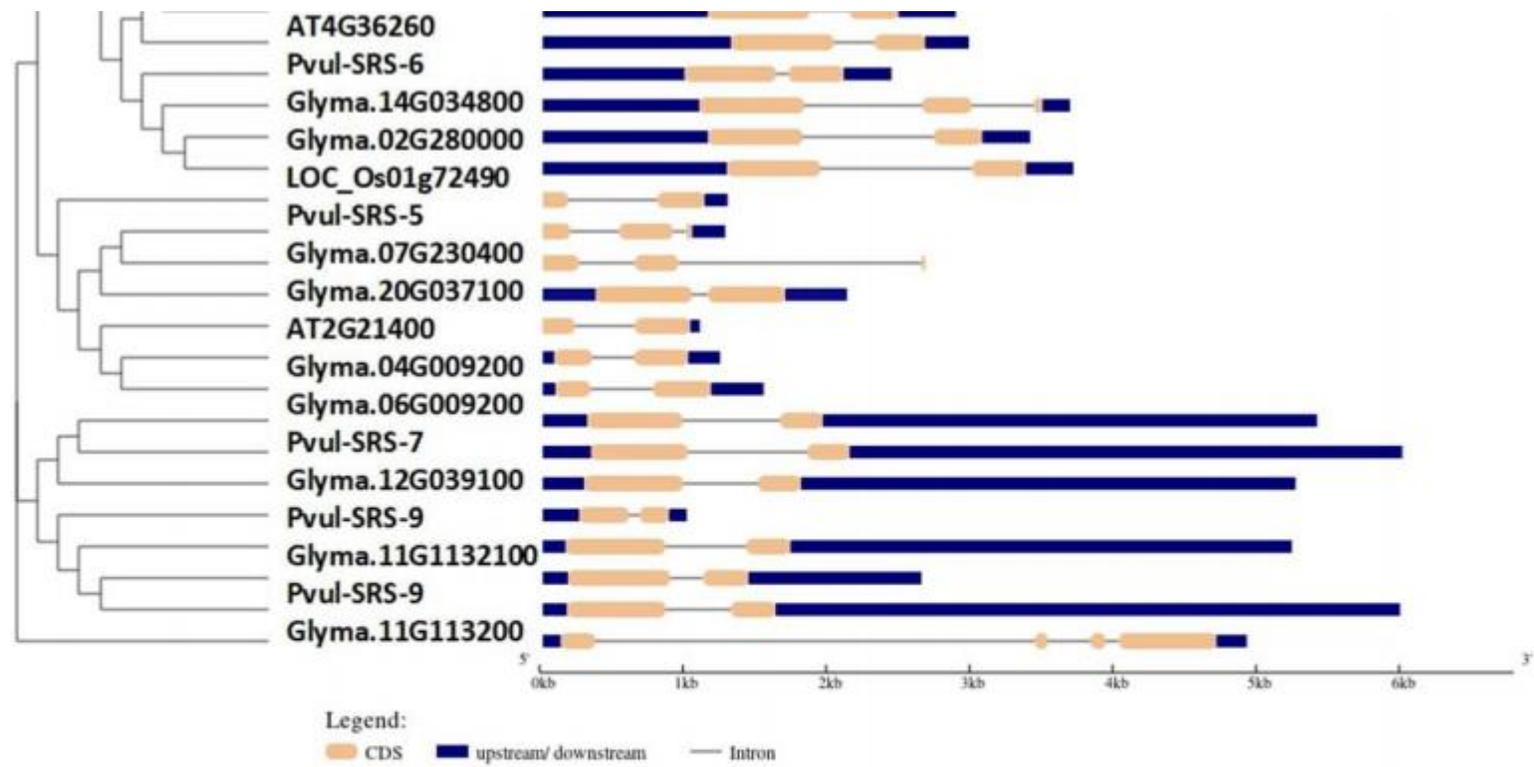


Fig. 2 Gene structures of *SRS* family members from *A. thaliana*, *G. max*, *O. sativa*, and *P. vulgaris* with clustering based on the NJ-based phylogenetic tree. Introns are presented by lines. UTR (Untranslated region) and CDS (Coding sequence) are indicated by blue- and orange-filled boxes, respectively (Color figure online)

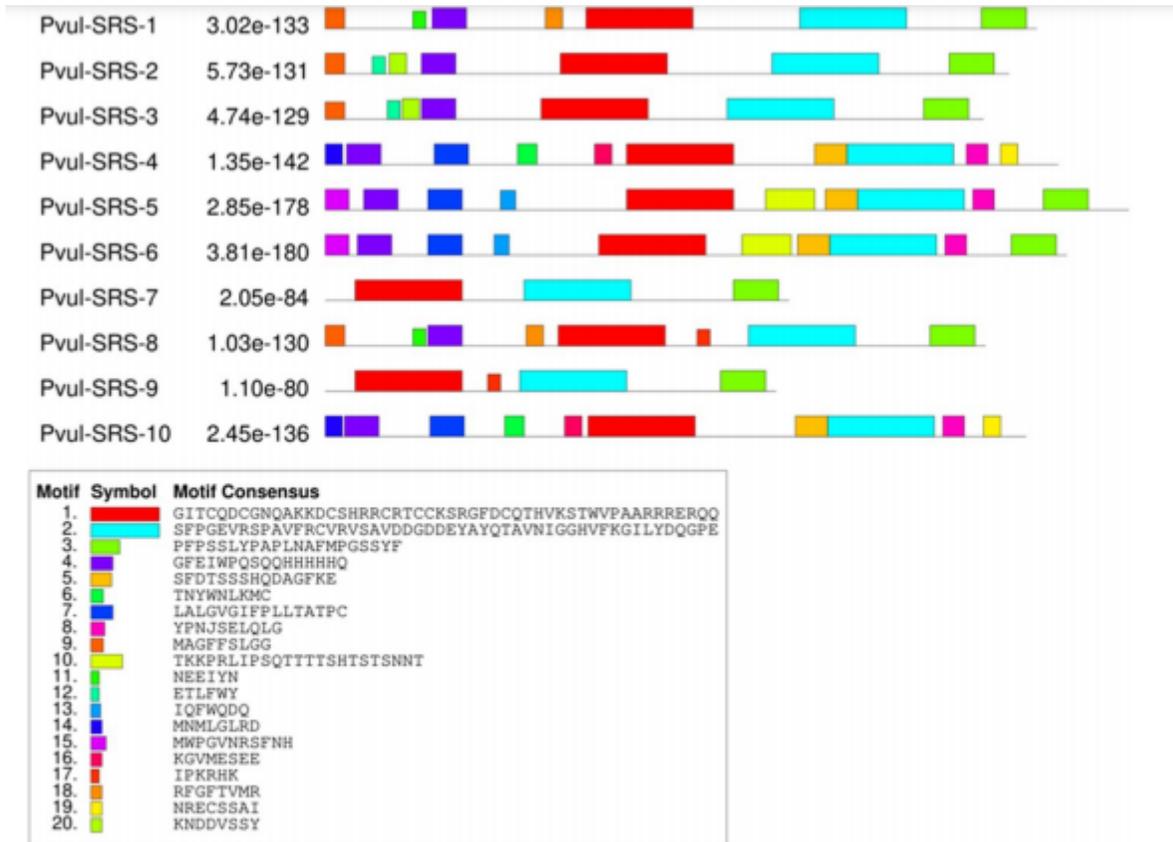


Fig.3 Conserved motifs of PvuI-SRS proteins from *P. vulgaris*. Schematic depiction of 20 conserved motifs in PvuI-SRS proteins. The MEME online tool was used to identify motifs. Each motif type is denoted using different-colored boxes, and the numbers in the boxes (1–20) signify motifs 1–20. The length and position of each colored box is scaled to size and motif consensus was provided (Color figure online)



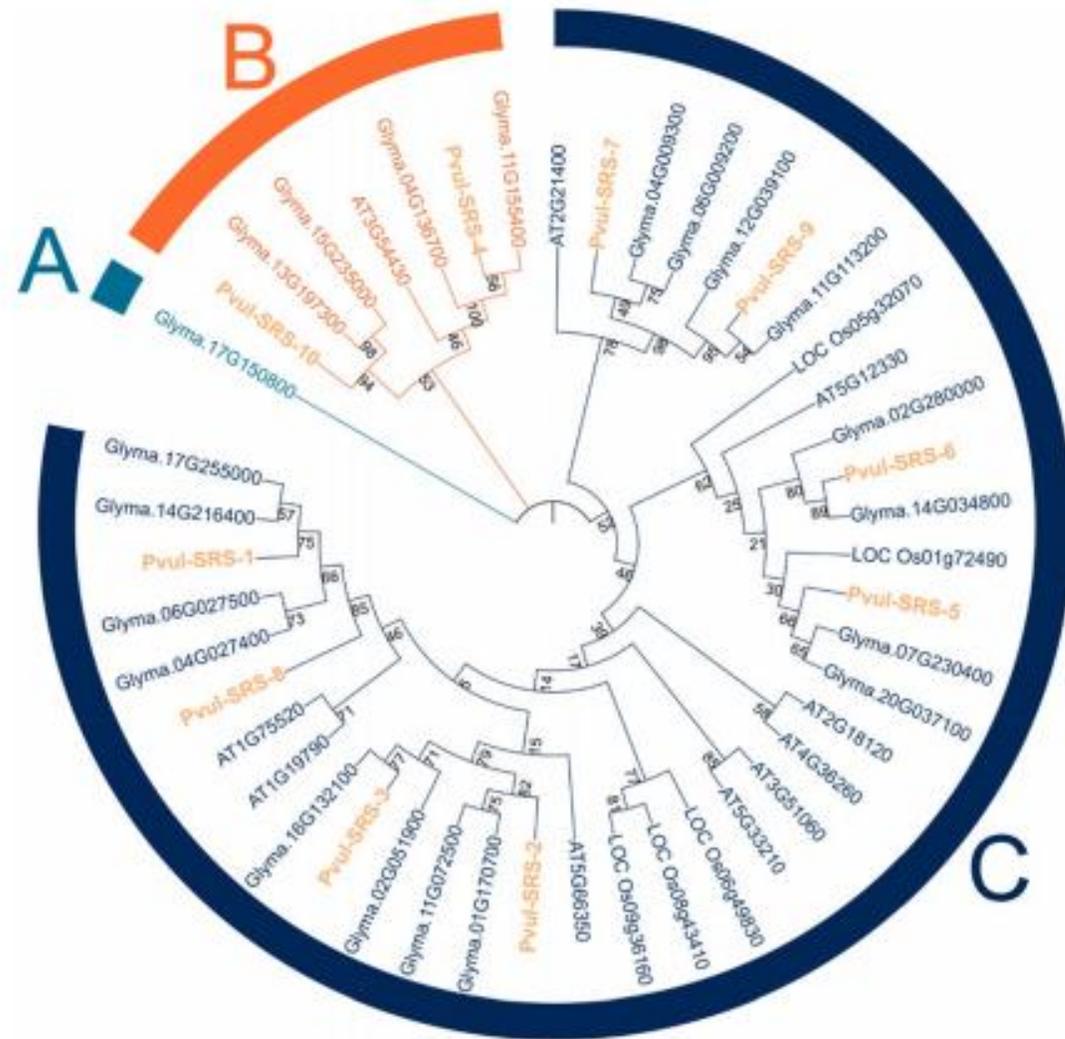


Fig. 5 Phylogenetic analyses of SRS proteins from four plant species. The phylogenetic tree was constructed using the NJ method. The identifier names of SRS proteins of *Phaseolus vulgaris*, *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, and *Oryza sativa* start with 'Pvul,' 'AT,' 'Glyma,' and 'LOC Os,' respectively. Bootstrap values were shown next to the branches. A: Group A, B: Group B, C: Group C

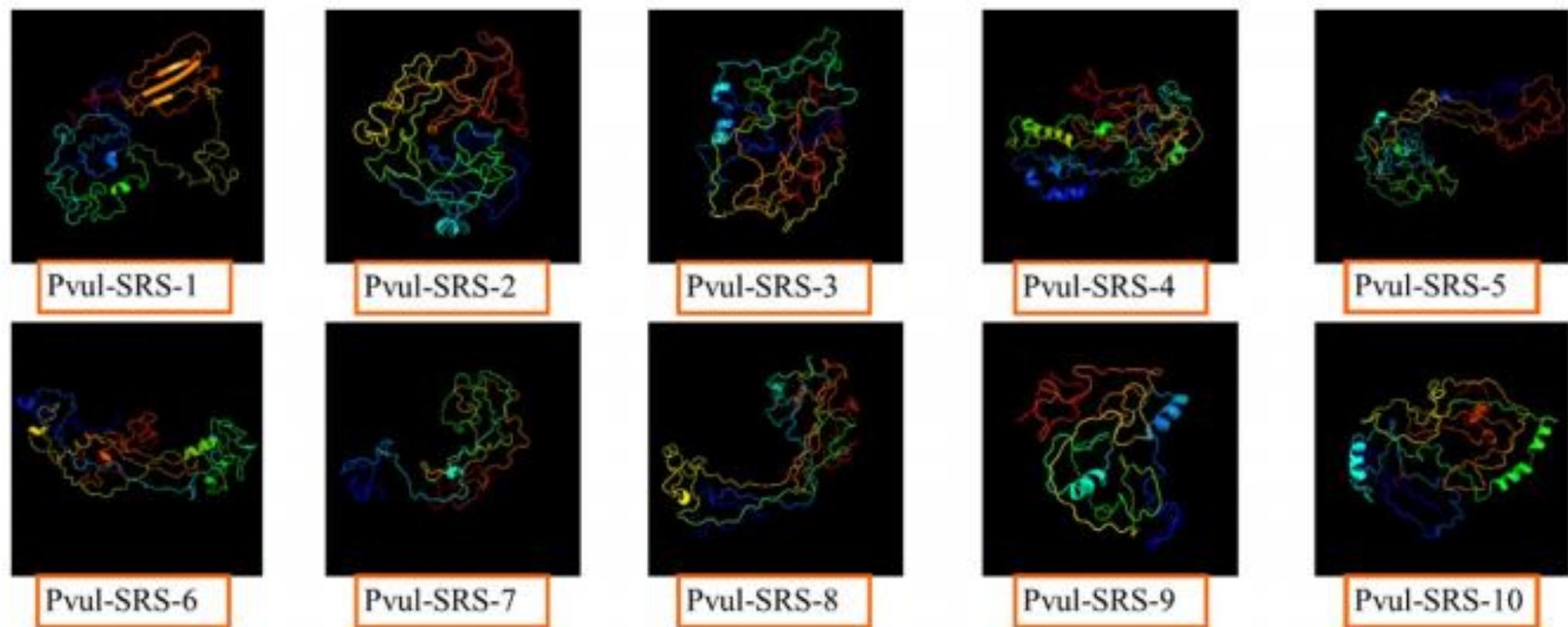


Fig. 6 The 3-dimensional structures of Pvul-SRS proteins. The secondary structure elements α -helices, β -sheets, and coils (disordered structures) are indicated for the predicted 3D structures of Pvul-SRS

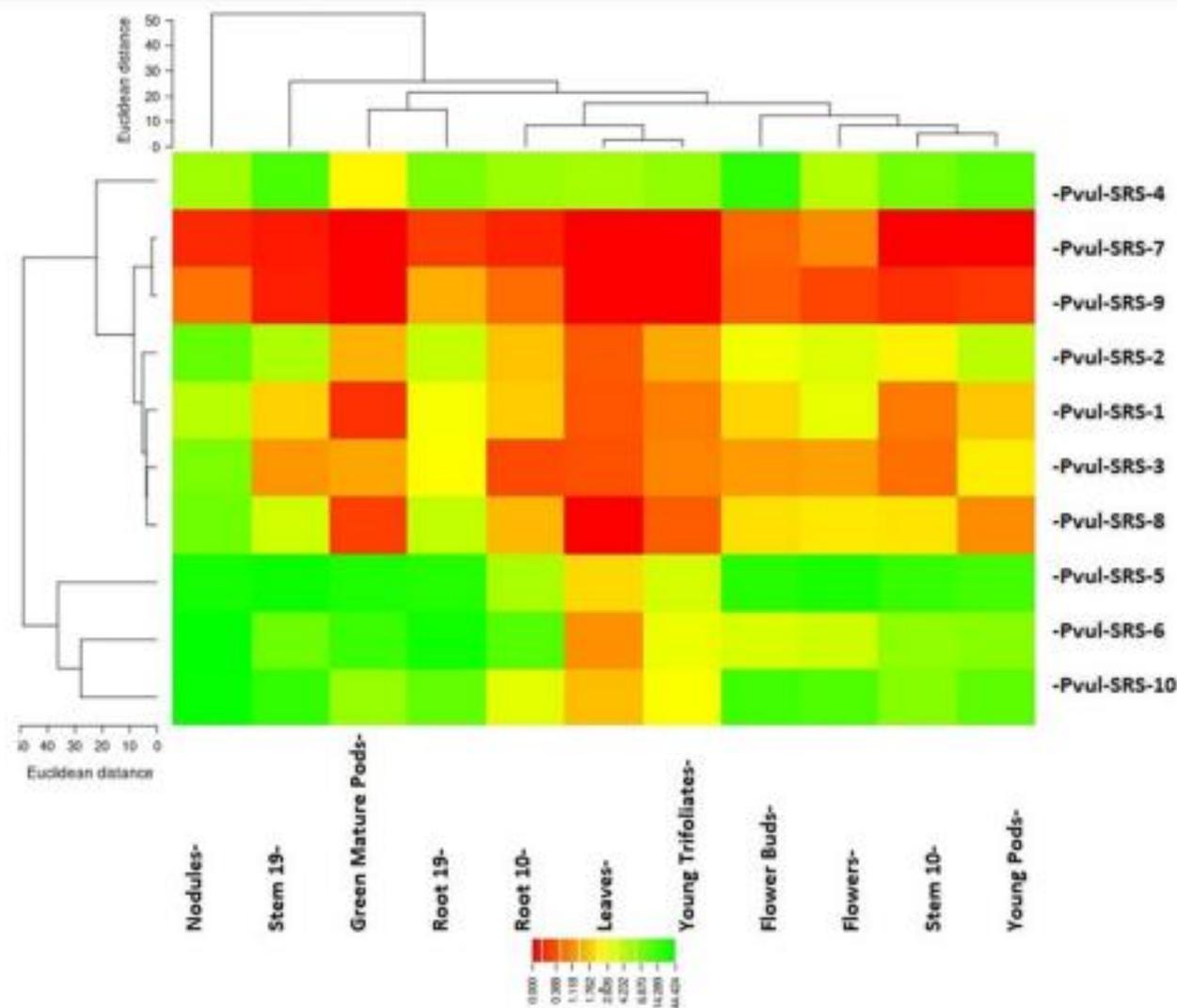


Fig. 8 Tempo-spatial expression patterns of *PvuI-SRS* genes in different organs in *P. vulgaris*. The \log_2 transformation of the average of expression values were used to generate the heat map with PermutMatrix software. Green and red in the color scale indicate high and low transcript expression, respectively. Root 19: 19 days after planting; Root 10: 10 days after planting; Stem 19: 19 days after planting; Stem 10: 10 days after planting (Color figure online)

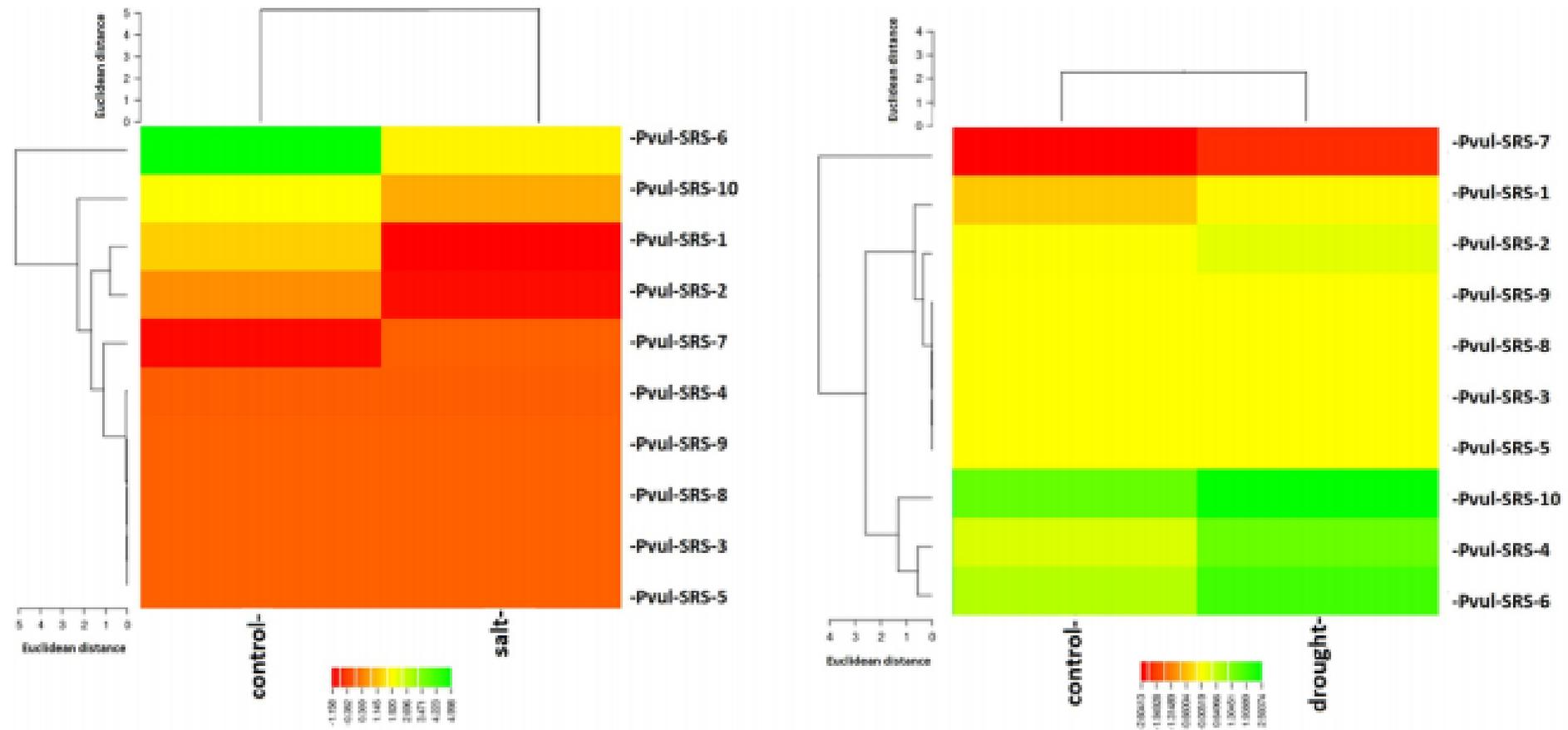


Fig. 9 Heatmap of *Pvul-SRS* genes differentially expressed under control/salt stress and control/drought stress conditions derived from RNAseq analysis. The log2 transformation of the average of expression values were used to generate the heat map with PermutMatrix software



okay.a13@hotmail.com

