

Saccharomyces cerevisiae Suşlarının *ADH2* ve *ADH5* Gen İfade Profili ve Teknolojik Özellikleri

Elif Bircan Muyanlı^{1,2}, Remziye Yılmaz^{2,3}

¹Foodomics Laboratuvarı, Gıda Mühendisliği Bölümü, Mühendislik Fakültesi, Hacettepe Üniversitesi, 06800 Ankara.

²Gıda Mühendisliği Bölümü, Fen Bilimleri Enstitüsü, Hacettepe Üniversitesi, 06800 Ankara.

³Uluslararası Gıda Biyogüvenlik ve Biyoteknoloji Araştırma ve Yayım Merkezi (ifbbc), Hacettepe Üniversitesi, 06800 Ankara.

remziye@hacettepe.edu.tr

Giriş

Fermantasyon sırasında *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) tarafından üretilen yüksek alkollerin biyosentezi, Ehrlich yolunda, üç aşamada, amino asit katabolizması ile gerçekleştirilir. Ehrlich yolunun son aşaması olan indirgeme basamağını katalize eden alkol dehidrojenaz enzimini kodlayan genler *ADH1-5* ve formaldehit dehidrojenaz enzimini kodlayan gen *SFA1*'dir. *ADH2* ve *ADH5* genleri etanolü asetil aldehite dönüştüren NAD bağımlı alkol dehidrojenazı kodlar. Bu çalışmanın amacı, FoodOmics Laboratuvarı Kültür Koleksiyonu'nda yer alan Sc mayalarının *ADH2* ve *ADH5* genlerinin ifade profillerini ve teknolojik özelliklerini karşılaştırmalı olarak incelemektir.

Gereçler ve Yöntemler

Sıvı kültürde canlandırılan mayalar YPD agarda 28 °C'de 48 saat inkübe edildi. Bundan sonra, YPD plakalarındaki saf maya kültürleri, 10 mL beyaz pastörize üzüm suyuna aşılandı. 28 °C 'de 48 saatlik inkübasyonun ardından 15 farklı Sc suşuna ait örnekten toplam RNA izolasyonu, cDNA sentezi ve ilgili primerlerle *ADH2* ve *ADH5* gen ifade analizi gerçekleştirildi. Yüksek sıcaklıkta gelişme analizi için mayalar (~10⁷ kob/mL) 10 mL üzüm suyuna aşılandı ve 37 °C ve 42 °C'de 7 gün inkübe edilerek gelişimleri izlendi. Maya suşlarının düşük pH değerlerindeki gelişimini incelemek için üzüm suyu (pH 3,3) ve pH değerleri 4,0 ve 7,0'e ayarlanan üzüm sularına maya suşları inoküle edildi. Suşların 28 °C'de gelişimi 7 gün boyunca izlendi. Mayaların fermantasyon hızı, fermantasyon süresince şeker ve alkol miktarındaki değişimin izlenmesi ile belirlendi. Bu amaçla 100 mL üzüm suyuna inoküle edilen Sc suşlarının 7 günlük fermantasyon süresince her gün alkol, briks, pH ve sıcaklık ölçümü yapıldı.

Bulgular

RNA izolasyonu, cDNA sentezi sonucunda RT-qPCR analizi için yeterli miktar ve kalitede nükleik asit elde edilmiştir. Log-gen ifade sonuçlarına göre *ADH2* için, *SC1*(2,34)'in *SC5*(1,03) ve *SC6*(0,81)'ya göre *SC0*(2,10)'dan yüksek olduğu gözlemlenmiştir. *ADH5* için ise, kontrol suşa *SC0*(1,57) kıyasla *SC1*(0,50 kat), *SC2*(0,58 kat), *SC3*(0,49 kat), *SC4*(0,68 kat), *SC5*(0,50 kat), *SC8*(0,59 kat) ve *SC9*(0,15 kat) suşlarının gen ifade seviyelerinin yüksek olduğu tespit edilmiştir. Seçilen suşların (*SC0-1-5-6*) teknolojik özellikleri incelendiğinde bunların düşük pH'da gelişim gösterdikleri, *SC1* ve *SC5*'in yüksek sıcaklıkta gelişiminin zayıf olduğu, fermantasyon hızları incelendiğinde ise *SC6*'nın şeker tüketimi ve alkol üretiminin hızlı olduğu gözlemlenmiştir.

Sonuç ve Tartışma

Gen ifade profilleri suşlara ve genlere göre birbirinden farklılık gösterirken teknolojik özellikler bakımından da suşlar farklıdır. Gen ifade profili diğer suşlardan düşük olan *SC6* suşu teknolojik olarak endüstriye daha yakın bulunmuştur.

Anahtar Kelimeler: Alkol dehidrojenaz, Gen İfadesi, Fermantasyon, *Saccharomyces cerevisiae*

Teşekkür: Hacettepe Üni. Gıda Müh. Bölümü'ne çalışma için sağlanan olanaklar nedeniyle teşekkür ederiz.