

ÖZET

Günümüzde insanların mücadele ettiği en büyük zorluklardan biri kanserdir. Prostat kanseri, dünya çapında erkeklerde kansere bağlı ölüm nedenleri arasında en yüksek sırada yer alan erkeklerdeki kanserler arasındadır. Kanser arařtırmalarında önemli hedeflerden biri miRNA'lardır. Bu tezin ana konusu, özellikle prostat kanseri tedavisinde kanser tedavisinde olası hedefe özgü tedavi için mikroRNA'ları gelecekteki hedef moleküller olarak arařtırmaktır. Tez kapsamında, kötü ilerlemeye sahip agresif prostat kanseri hücreleri arasında miRNA'ların ekspresyon seviyelerindeki farklılıklar ve hedefe özgü bir terapi olarak seçilen miRNA'ların nasıl seçildiđi tartıřılmıştır. Ayrıca prostat kanseri etiyolojisindeki genetik farklılıkların deđerlendirilmesi hem *in vitro* hem de *in siliko* yöntemlerle arařtırılması hedeflenmiştir. Kanser genom atlas programı (TCGA) ve mirBase gibi miRNA ile ilgili veritabanları kullanılarak detaylı aramalar sonucunda hsa-miR-499a ve hsa-miR-499b, miRBASE veri tabanından toplanan verilere dayanarak 136 farklı literatürde atfedilen bir mikroRNA ailesi olarak bu tezin konusunu oluřturmaktadır. Tez kapsamında ayrıca konvansiyonel kemoterapi ajanları olan cisplatin ve paklitaksel'in yüksek metastatik özellikte PC3 ve PC3 p53+ hücrelerindeki rolleri de incelenmiştir. Bu bağlamda, prostat kanseri ile ilgili gelecekteki projeler için ön veri olarak deđerlendirilebilecek tezin sonuçları umut vericidir.

ABSTRACT

One of the biggest challenges people face today is cancer. Prostate cancer is among the highest cancer death in men worldwide, cancers. One of the important goals in cancer research is to search on the role of miRNAs in cancer. The main topic of this thesis is to investigate microRNAs as future target molecules for target-specific therapy in the treatment of prostate cancer. Within the scope of the thesis, differences in expression levels of miRNAs and how miRNAs are selected as a target-specific therapy were discussed. In addition, it was aimed to investigate the genetic secrets of prostate cancer etiology by *in vitro*, *in vitro* and *in silico* methods. Learn about the cancer genome atlas program (TCGA) and miRNA-related communications such as mirBase hsa-miR-499a and hsa-miR-499b remove this thesis as a group of microRNAs attributed in 136 different literatures based on data collected from the miRBASE database. High metastatic features were examined in PC3 and PC3 p53 + cells. In this context, the results of the thesis, which can be considered as preliminary data for projects related to prostate cancer, are promising.