

### Yıldız Teknik Üniversitesi – Bilgisayar Mühendisliği Bölümü

**Akademik Personel Proje Öneri Formu**

**Danışmanın Adı Soyadı:** M. Özgür CİNGİZ **Proje Türü:** Bilgisayar Bitirme

|  |
| --- |
| **Projenin Konusu:** İyileştirilmiş Gen Ağı Çıkarım Algoritmasının Geliştirilmesi |
| **Projenin Amacı:**  Normal bir hücrenin fizyolojisi, gelişmesi veya hastalığa dönüşmesi ve ilerlemesi durumunun daha iyi anlaşılabilmesi için tüm-genom seviyesinde genler arasındaki sebepsel (causal) etkileşim (interaction) mekanizmasının ortaya çıkarılması çok önemlidir . Gen düzenleyici ağlar (GDA) gen, protein gibi hücre molekülleri arasındaki etkileşimleri göstermektedir. GAÇ (Gen Ağı Çıkarım) algoritmaları da hücre molekülleri arasındaki ilişkiyi bulmayı hedeflemektedir. Çalışmamızda mikrodizin veri kümleri kullanarak elde edilen gen ağlarının performansının iyileştirilmesi hedeflenmektedir. Bunun için farklı fenotipe sahip (farklı kanser türleri gibi) mikrodizin veri kümelerinde elde edilen ayırt edici genler (differentially expressed genes) t- test, doğrusal modellere dayalı yaklaşımları ile belirlenerek gen ağı çıkarım algoritmalarının performansının iyileştirilmesinde kullanılması planlanmaktadır.  Aracne,C3net gibi gen ağı çıkarım algoritmaları sonucunda elde edilen gen ağlarının False Positive oranlarının oldukça yüksek olması nedeniyle ayırt edici genler üzerinden gen ağları iyileştirilerek moleküler ilişkilerin performansı arttırılacaktır.  Çalışma sonunda klasik gen ağı çıkarım algoritmalarından elde edilen F ölçüm değerleri iyileştirilmiş gen ağı çıkarım algoritmalarıyla elde edilmiş F ölçüm değerleriyle karşılaştırılarak uygulanması planlanan metodun başarısı değerlendirilecektir. |
| **Projenin Çıktıları:**  Çalışma sonunda moleküler ilişkileri daha iyi vereceği düşünülen algoritma gerçeklenmesi hedeflenmektedir. Yeni yaklaşımın sonucu diğer algoritmalarla karşılaştırılacaktır. |
| **Önerilen Kaynaklar:**   * Smyth, Gordon K. "Limma: linear models for microarray data." Bioinformatics and computational biology solutions using R and Bioconductor. Springer New York, 2005. 397-420. * http://faculty.ucr.edu/~tgirke/HTML\_Presentations/Manuals/Microarray/arrayBasics.pdf * Margolin, Adam A., et al. "ARACNE: an algorithm for the reconstruction of gene regulatory networks in a mammalian cellular context." BMC bioinformatics7.Suppl 1 (2006): S7. * Altay, Gökmen, and Frank Emmert-Streib. "Structural influence of gene networks on their inference: analysis of C3NET." Biol Direct 6 (2011): 31. |
| **Projenin Özellikleri:**  Proje ekibinin boyutu:  1 öğrenci  2 öğrenci  Rekabet edebilecek ekip sayısı:  1 ekip  2 ekip  3 ekip |