**DNA ANALİZİ VE HASTALIK ÇIKARIMI**

**Kütahya Sağlık Bilimleri Üniversitesi  
Mühendislik ve Doğa Fakültesi  
Bilgisayar Mühendisliği**

**Mert Can Kabakçı - 2218121021**

**ÖZET**

Bu projede araştırmacıların veya sağlık çalışanlarının kişilerin gen haritasını incelemelerini sağlayan ve bundan çıkarımlar yapabilecekleri bir çalışmadır. Proje kişilerin hangi hastalıklara yatkın olduklarını gen haritasını inceleyip karşılaştıran algoritmalar kullanarak araştırmacıya üzerinde araştırma yapılabilecek sonuçlar sunabilmekte ayrıca verimlilik hedefine yatkın şekilde veri tabanında tutulan veriler ile kişilerin hangi hastalıklara yatkın olduklarını kullanıcıya sunabilmektedir. Bir sonraki aşama için makine öğreniminden yararlanıp bu işlemleri yapay zeka kullanarak otomatik değerlendirmeler ve sonuçlar vermesini planlıyoruz.

**GİRİŞ**

Genom araştırmalı çok uzun süreden beri araştırılan zamanla da hem ucuzlamış hemde yatırımları katlanarak artmış bir araştırma konusudur. Hastalıklara karşı yeni ilaç üretimi, yeni tedavi yöntemleri konusunda potansiyeli yüksek bir alan. Sektör giderek büyüyor ve yatırımlar da artıyor bu yüzden ilgimizi çekti ve araştırmaya başlayınca konu gittikçe derinleşti ve ekip olarak bu konunun bilgisayar ve yazılım teknolojilerinden yararlanabileceğini düşündük ve bir proje oluşturmaya başladık. Projemiz ile genini analiz ettiğimiz kişinin hangi hastalıklara yatkınlığı var mı bunu belirleyip bu tarz projelere bir altarnatif oluşturmaya karar verdik.

**METARYAL ve YÖNTEMLER**

Bu projede araştırmalarımız için neredeyse tamamen tek bir kayanktan yararlandık, bunun dışında araştırmalar yaptığımız başka kaynaklar da oldu. En çok yararlandığımız kaynak National Library of Medicine burada Human Genom Project adı altında oluşturulan kaynaklar çokca işimize yaradı incelediğimiz fasta ve gff dosyalarını burdan temin ettik, araştırmalarımızı burdaki makalelerden yaptık ve sitenin sağladığı Primer Blast vb. toolları kullanarak araştırmamızı derinleştirdik.

DNA testlerinin nasıl yapıldığını araştırırken 3 farklı yöntem keşfettim bunlar ;

* 1. The whole shebang
* 2. Focus on the proteins
* 3. The minimalist approach

Kısaca anlatmak gerekirse 1. yöntemde tüm DNA inceleniyor , 2. yöntemde proteinlerin sentezinde görev alan mRNA'ların yapı taşları olan exonlar inceleniyor. 3. ise bizim projemizde kullanmayı tercih ettiğimiz yöntem. Bu yöntem exonlardan bile daha derine inip exonları oluşturan nükleotitlerdeki değişiklere göre sonuçlar veriyor. Bu yöntemi kullanmak hem veri depolama açısından hemde zaman kaybını azalttığından dolayı projemiz için çok verimli oldu.



**SONUÇ & ÇIKARIMLAR**

Şu anda proje sadece gen21 üzerinde çalışıyor gen21'in gff dosyasını databasede tutuyor ve bunun üzerinden exonlar ile alakalı veri çıkarımı yapabiliyor, hasta kayıt yapabiliyor ve dna karşılaştırması yapabiliyor. Proje ilerde tüm genlerde çalışıp çıkarım yaptığı verileri grafiklere dökücek ve hasta ekleme silmede geliştirmeler yapılıcak, karşılaştırma algoritmasında geliştirmeler olucak. Sonuç olarak piyasa taleplerini sağlayabilecek, araştırmalarda araştırmacıların işini kolaylaştırıcak, kişilerin genlerinden aldıkları bilgiler ile hangi hastalıklara yatkın oldukları konusunda bilinçlendiricek bir proje olucak tamamlandığında.

**Proje Ortakları**

Bilal Emre Taydas   
Enes Civan  
Mehmet Serdar Koz

**KAYNAKÇA**

[**https://www.ncbi.nlm.nih.gov/**](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/)

[**https://www.genome.gov/human-genome-project**](https://www.genome.gov/human-genome-project)

[**https://www.snexplores.org/article/explainer-how-dna-testing-works**](https://www.snexplores.org/article/explainer-how-dna-testing-works)