

WISpR: Tek Hücre RNA Dizileme Verilerini Kullanarak Hücre Tipi Karışımlarını Ayırıştırmak İçin Ağırlık-İndüklenmiş Seyrek Regresyon Algoritması

Nuray Söğünmez ERDOĞAN

Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, Kadir Has Üniversitesi

ÖZET

Modern bilimin en son araçları, teknolojik gelişmeler ve yeniliklerin artmasıyla birlikte büyük ve karmaşık veri setlerini toplamaya yöneldi. Moleküler biyolojide, günümüzün en ileri teknolojilerinden olan tek hücre RNA dizileme (scRNA-Seq) yöntemlerini kullanarak, gen ekspresyonu verileri aracılığıyla hücre popülasyonlarının heterojenliği yüksek çözünürlükte elde edilebilmektedir. Ancak, bu teknoloji ile hücrelerin uzamsal konumları tespit edilememektedir. Öte yandan, uzamsal transkriptomik (ST) ile elde edilen barkod tabanlı uzamsal olarak çözülmüş gen ekspresyon profilleri, doku organizasyonunu ve işlevini anlamada kilit rol oynamaktadır, ancak tek hücre çözünürlüğüne sahip değildir. Bu nedenle, dekonvolüsyon teknikleri hücresel profilleri ve bunların yüksek çözünürlüklü uzamsal organizasyonlarını ve etkileşim desenlerini daha iyi anlamak için çok önemlidir. Bu konuşmada, scRNA-Seq'den yüksek çözünürlüklü hücre tipi verilerini kullanarak ST'den hücresel profilleri dekonvolüze eden yeni geliştirilmiş veri odaklı bir makine öğrenme algoritması olan ağırlık-İndüklenmiş seyrek regresyon (WISpR) hakkında konuşacağız. WISpR'nin gelişmekte olan embriyonik insan kalbi ve fare beyнинin hücre profillerini nasıl doğru bir şekilde haritalandırdığını ve genel doku mimarisini başarıyla tanımladığını açıklayacağız. Son olarak, WISpR'nin insan meme kanserinde bölgeye özgü hücresel heterojenliği nasıl ortaya çıkardığını konuşacağız. Genel olarak, doğanın seyrekliği tarafından yönlendirilen WISpR'nin prensibini ve biyolojik dokuların yüksek çözünürlüklü moleküler profilini sağladığı için kişiselleştirilmiş tıbbı nasıl umut verici katkılar sunacağını tartışacağız.