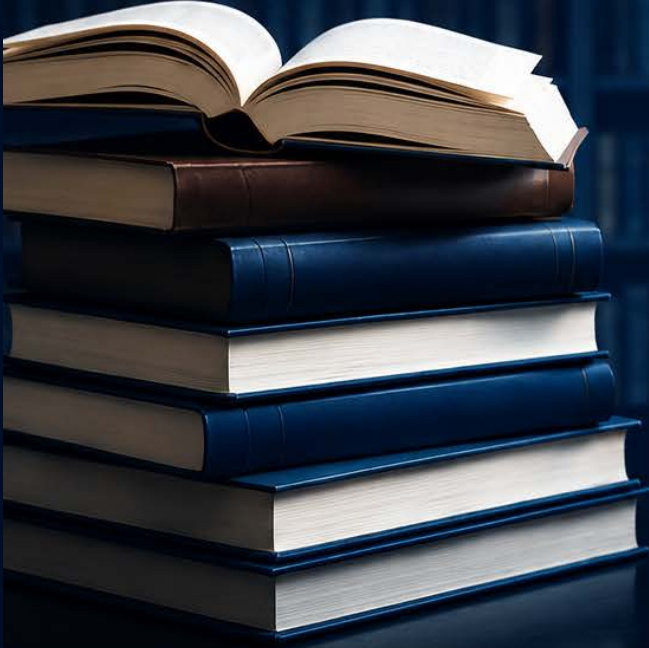


SAĞLIK BİLİŞİMİ ALANINDA GÜNCEL KONULAR VE AKADEMİK DEĞERLENDİRMELER

Editör: Prof.Dr. Nurhan GÜMRÜKÇÜOĞLU



yaz
yayınları

Saęlık Biliřimi Alanında
Güncel Konular ve Akademik Deęerlendirmeler

Editör

Prof.Dr. Nurhan GÜMRÜKÇÜOęLU

yaz
yayınları

2026

**Sağlık Bilişimi Alanında Güncel Konular
ve Akademik Değerlendirmeler**

Editör: Prof.Dr. Nurhan GÜMRÜKÇÜOĞLU

© YAZ Yayınları

Bu kitabın her türlü yayın hakkı Yaz Yayınları'na aittir, tüm hakları saklıdır. Kitabın tamamı ya da bir kısmı 5846 sayılı Kanun'un hükümlerine göre, kitabı yayınlayan firmanın önceden izni alınmaksızın elektronik, mekanik, fotokopi ya da herhangi bir kayıt sistemiyle çoğaltılamaz, yayınlanamaz, depolanamaz.

E_ISBN 978-625-5450-77-7

Ekim 2026 – Afyonkarahisar

Dizgi/Mizanpaj: YAZ Yayınları

Kapak Tasarım: YAZ Yayınları

YAZ Yayınları. Yayıncı Sertifika No: 73086

M.İhtisas OSB Mah. 4A Cad. No:3/3
İscehisar/AFYONKARAHİSAR

www.yazyayinlari.com

yazyayinlari@gmail.com

İÇİNDEKİLER

Biyoinformatikte Liste Karşılaştırma: Görselleştirme Yaklaşımları ve Araçları	1
<i>Ayşe Banu PAK PEHLEVAN</i>	
Veri Listelerinin Karşılaştırılmasında Web Tabanlı Araçların İncelenmesi	16
<i>Ayşe Banu PAK PEHLEVAN</i>	
Biyoenformatikte Küme Görselleştirme: Intervene, UpSetR ve eulerr	26
<i>Sinem ÖZDEMİR</i>	

"Bu kitapta yer alan bölümlerde kullanılan kaynakların, görüşlerin, bulguların, sonuçların, tablo, şekil, resim ve her türlü içeriğin sorumluluğu yazar veya yazarlarına ait olup ulusal ve uluslararası telif haklarına konu olabilecek mali ve hukuki sorumluluk da yazarlara aittir."

BİYOİNFORMATİKTE LİSTE KARŞILAŞTIRMA: GÖRSELLEŞTİRME YAKLAŞIMLARI VE ARAÇLARI

Ayşe Banu PAK PEHLEVAN¹

1. GİRİŞ

Biyoinformatik, biyolojik verilerin incelenmesinde bilgisayar bilimleri, matematik ve istatistik gibi farklı disiplinlerin yöntemlerinden yararlanan disiplinler arası bir bilim alanıdır (Lin vd., 2025). Özellikle İnsan Genom Projesi ile birlikte büyük ölçekli biyolojik veri üretiminin hız kazanması ve bu verilerin analizine duyulan ihtiyacın artması, biyoinformatiğin gelişimini hızlandırmıştır (Chen vd., 2024). Günümüzde bu alan, genom dizileri, protein dizileri, gen ekspresyon verileri ve biyobelirteçler gibi farklı veri türlerinin depolanması, işlenmesi, analiz edilmesi, yorumlanması ve görselleştirilmesinde hesaplamalı yöntemler, algoritmalar ve yazılım araçları kullanılmaktadır (Zhang vd., 2025). Başlangıçta ağırlıklı olarak genomik çalışmalarla ilişkilendirilen biyoinformatik, zamanla proteomik, transkriptomik, metabolomik ve sistem biyolojisi gibi farklı araştırma alanlarını da kapsayacak şekilde genişlemiştir (Zhou vd., 2025).

Genomik, transkriptomik, proteomik ve metabolomik çalışmalar sonucunda gen, protein, metabolit ve diğer biyolojik bileşenlere ilişkin kapsamlı veri kümeleri oluşturulmaktadır. Son yıllarda çoklu omik teknolojilerindeki hızlı ilerlemeler, üretilen biyolojik veri miktarının önemli ölçüde artmasına neden olmuştur

¹ Öğr. Gör. Dr., Trabzon Üniversitesi, ORCID: 0000-0002-9490-3504.

(Yang vd., 2024). Gen, protein, metabolit, DNA/RNA dizileri, mikrobiyom ve gen ontolojisi verileri gibi farklı biyolojik veri kümeleri arasındaki ortaklıkların ve farklılıkların belirlenmesi, biyolojik sistemlerin karşılaştırmalı olarak incelenmesi açısından önem taşımaktadır. Bu amaçla veri kümeleri arasındaki ilişkilerin ve kesişimlerin ortaya konulmasında çeşitli küme karşılaştırma ve görselleştirme yaklaşımlarından yararlanılmaktadır (Jia vd., 2021; Yang vd., 2024).

Bu yaklaşımlar arasında yer alan Venn diyagramları, biyolojik veri kümeleri arasındaki ortak ve farklı öğelerin görsel olarak sunulmasında yaygın olarak kullanılmaktadır (Yang vd., 2024). Venn diyagramları, farklı biyoinformatik analizlerden elde edilen sonuçların karşılaştırılmasına ve yorumlanmasına da katkı sağlamaktadır. Örneğin NetVenn, farklı gen listelerindeki ortak genlerin ağ ilişkilerini Venn ve ağ diyagramlarıyla görselleştirirken, OrthoVenn farklı genomlar arasındaki ortolog genlerin analiz edilmesine ve sonuçların Venn diyagramlarıyla gösterilmesine olanak sağlamaktadır (Jia, Xu, ve Wang 2021). Benzer şekilde ImageGP, ComplexHeatmap, ggVennDiagram ve Wekemo Bioincloud gibi araçlar da biyolojik veri kümelerinin karşılaştırılması ve görselleştirilmesi amacıyla kullanılmaktadır (Yang vd., 2024).

Veri kümelerinin karşılaştırılmasındaki temel amaçlardan biri ortak ve özgün öğelerin belirlenmesidir. Ortak öğeler, iki veya daha fazla veri kümesinde yer alan gen, protein, metabolit veya diğer biyolojik unsurları ifade ederken, özgün öğeler yalnızca belirli bir veri kümesinde bulunan unsurları göstermektedir. Bağımsız veri setlerinde ortak olarak belirlenen öğeler tekrarlanan biyolojik bulguların ortaya çıkarılmasına yardımcı olmaktadır. Aynı zamanda, belirli bir gruba özgü öğeler hastalık, doku, tedavi veya deneysel koşulla ilişkili farklılıkların araştırılmasında kullanılmaktadır.

Küme karşılaştırmalarında ortak ve yalnızca belirli kümelere ait öğelerin belirlenmesi kadar, sonuçların anlaşılır biçimde görselleştirilmesi de önemlidir. Bu amaçla Venn ve Euler diyagramları yaygın olarak kullanılmaktadır. Ancak karşılaştırılan küme sayısı arttıkça özellikle Venn diyagramları karmaşıklaşmakta ve okunabilirliği azalmaktadır. Bu sınırlılıkların aşılması amacıyla zaman içinde farklı görselleştirme yaklaşımları geliştirilmiştir. Bunlar arasında UpSet grafikleri, Edwards-Venn diyagramları, çiçek diyagramları ve ağ tabanlı gösterimler yer almaktadır.

2. KÜME KARŞILAŞTIRMA VE GÖRSELLEŞTİRME YAKLAŞIMLARI

Araştırmacılar, biyolojik süreçlere ilişkin anlamlı bilgiler edinmek için büyük miktardaki çoklu omik veriyi işleme ve görselleştirme zorluğuyla karşılaşmaktadır (Yang vd., 2024). Karmaşık veri kümelerinin entegrasyonu ve görselleştirilmesi, çoklu omik araştırmalarının giderek daha önemli bir yönü olarak ortaya çıkmaktadır. Bu kapsamda küme karşılaştırma ve ortak öğelerin belirlenmesi, farklı bilimsel disiplinlerde veri kümeleri arasındaki ilişkilerin incelenmesi amacıyla kullanılan önemli yaklaşımlardır. Veri kümeleri arasındaki ortak ve farklı öğelerin belirlenmesi, elde edilen bulguların değerlendirilmesine ve kümeler arasındaki ilişkilerin ortaya konulmasına katkı sağlamaktadır.

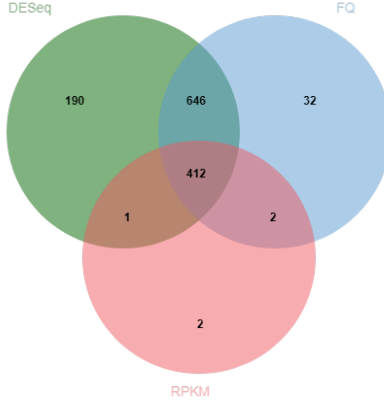
Veri kümeleri arasındaki ilişkilerin ve kesişimlerin görsel olarak temsil edilmesinde çeşitli görselleştirme yaklaşımlarından yararlanılmaktadır. Bu yaklaşımlar arasında Venn diyagramları, Euler diyagramları ve UpSet grafikleri öne çıkmaktadır. Bu yaklaşımlar, kümeler arasındaki ilişkilerin daha anlaşılır biçimde sunulmasına, ortak ve farklı öğelerin belirlenmesine ve elde edilen sonuçların yorumlanmasına olanak tanımaktadır.

Her görselleştirme yaklaşımının kendine özgü avantajları ve sınırlılıkları bulunmaktadır. Uygun yaklaşımın seçiminde küme sayısı, kesişimlerin yapısı, verilerin karmaşıklığı ve görselleştirme amacı gibi faktörler etkili olmaktadır. Bu bölümde Venn diyagramları, Venn diyagramlarının alternatif geometrik gösterimlerinden biri olan Edwards Venn diyagramları, Euler diyagramları ve UpSet grafikleri ele alınacaktır.

2.1. Venn Diyagramları

Venn diyagramı, kümeler arasındaki kesişimleri ve farklılıkları göstermek için yaygın olarak kullanılan bir yaklaşımdır (Yang vd., 2024). Tipik Venn diyagramı, veri kümeleri arasındaki kesişimleri, farkları ve birleşimleri göstermek için örtüşen daireler kullanmaktadır (Jia vd., 2021). Venn diyagramı, kullanıcıların standart ve Edwards Venn düzenleri arasında sorunsuz bir şekilde geçiş yapmalarını sağlamaktadır. Ayrıca, altı listeye kadar veri setini keşfetmeyi ve grafik çizmeyi kolaylaştırarak birden fazla amaca hizmet etmektedir. Venn diyagramları, birden fazla veri kümesi arasındaki ilişkileri göstermek için yaygın olarak kullanılmaktadır (Gao vd., 2024).

Şekil 1’de üç veri listesinin kesişimlerini gösteren Venn diyagramı sunulmuştur. Görsel, jVenn aracının (<https://jvenn.toulouse.inrae.fr/app/example.html>) “Load an example...” seçeneği kullanılarak oluşturulmuştur (Bardou vd., 2014). Jvenn, biyolojik veri kümelerini karşılaştırmak için geliştirilmiş, JavaScript tabanlı ve etkileşimli bir Venn diyagramı görüntüleyicidir (Bardou vd., 2014).



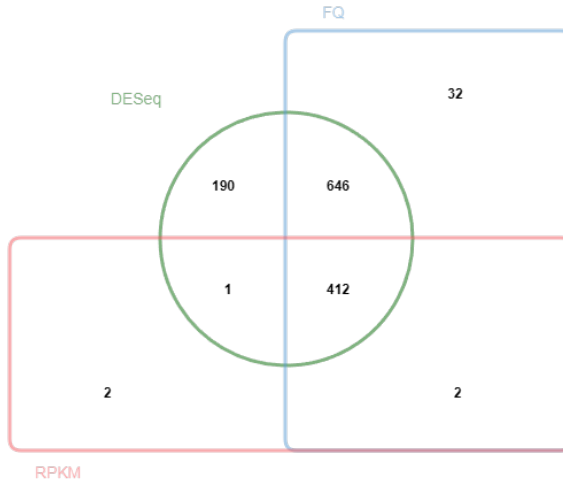
Şekil 1. Üç veri listesinin jVenn aracı kullanılarak Venn diyagramı görselleştirilmesi

Şekil 1’de DESeq, FQ ve RPKM olmak üzere üç veri listesinin Venn diyagramı aracılığıyla karşılaştırılması gösterilmektedir. Diyagramda yalnızca DESeq listesinde 190, FQ listesinde 32 ve RPKM listesinde 2 eleman bulunmaktadır. İkili kesişimler incelendiğinde DESeq ve FQ listelerinde ortak 646, DESeq ve RPKM listelerinde ortak 1, FQ ve RPKM listelerinde ise ortak 2 eleman yer almaktadır. Üç veri listesinin tamamında ortak bulunan eleman sayısı 412’dir. Bu görselleştirme, araştırmacıların veri listeleri arasındaki ortak ve özgün elemanları hızlı bir şekilde değerlendirmesine ve verilerin genel yapısı hakkında ön bilgi edinmesine olanak sağlamaktadır.

2.1.1. Edwards Venn Diyagramları

Edwards-Venn diyagramları, klasik Venn diyagramlarına alternatif olarak geliştirilen geometrik gösterimlerden biridir. Bu yaklaşımda kümeler arasındaki ilişkiler, dairesel gösterimlerden farklı geometrik eğriler kullanılarak sunulmaktadır. Edwards Venn diyagramları, özellikle beş ile altı küme içeren durumlarda, küme kesişimlerinin gösteriminde netliği artırmak için kullanılmaktadır (Yang vd., 2024).

Üç veri listesinin karşılaştırılmasına ilişkin örnek bir görselleştirme Şekil 2’de sunulmuştur. Görsel, jVenn (<https://jvenn.toulouse.inrae.fr/app/example.html>) aracında yer alan ilk üç örnek veriler kullanılarak oluşturulmuştur (Bardou vd., 2014).



Şekil 2. Üç veri listesinin jVenn aracı kullanılarak Edwards-Venn diyagramı görselleştirilmesi

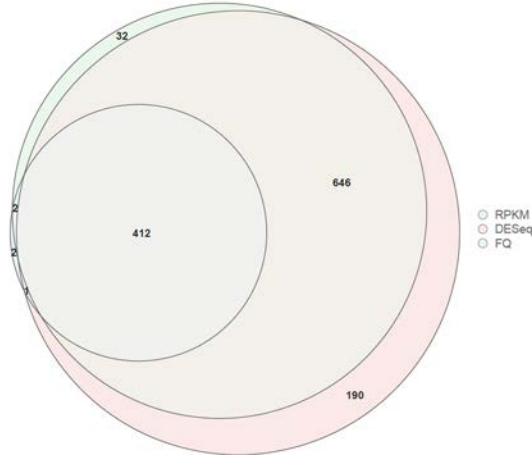
Şekil 2’de, aynı veri listelerinin Edwards-Venn diyagramı kullanılarak karşılaştırılması sunulmuştur. Şekil 1’deki Venn diyagramıyla aynı kesişim bölgeleri ve eleman sayıları elde edilmiştir. Diyagramda yalnızca DESeq listesinde 190, FQ listesinde 32 ve RPKM listesinde 2 eleman bulunurken, üç veri listesinin tamamında ortak olan eleman sayısı 412’dir.

2.2. Euler Diyagramları

Euler diyagramı, Venn diyagramına benzer şekilde veri kümeleri arasındaki ilişkileri kapalı şekiller ile gösteren bir yöntemdir. Kümeler arasındaki ilişkiler farklı büyüklükteki daire veya elipslerle görselleştirilmektedir (Jia vd., 2021). Özellikle iki ve üç veri kümesi için tasarlanan Euler diyagramları, kesişim alanlarının boyutlarının paylaşılan eleman sayısı ile ilişkili

olduğu alan oranlı gösterimler üretmektedir (Yang vd., 2024). Venn diyagramlarından farklı olarak Euler diyagramlarında boş kesişim bölgelerinin gösterilmesi zorunlu değildir (Yang vd., 2024). Bu nedenle yalnızca mevcut küme ilişkilerinin sunulması amaçlandığında daha sade ve anlaşılır bir görselleştirme sağlanabilmektedir.

Euler diyagramına ilişkin örnek bir görselleştirme, R programlama dilinde yer alan eulerr paketi kullanılarak oluşturulmuş ve Şekil 3'te sunulmuştur. Görselleştirmede, Bardou ve arkadaşları (2014) tarafından geliştirilen jVenn aracının "Load an example..." kısmında yer alan RPKM, DESeq ve FQ veri listeleri kullanılmıştır (Bardou vd., 2014). Farklı küme karşılaştırma ve görselleştirme yaklaşımlarının tutarlı biçimde değerlendirilebilmesi amacıyla, Euler diyagramının oluşturulmasında da aynı veri seti kullanılması tercih edilmiştir.



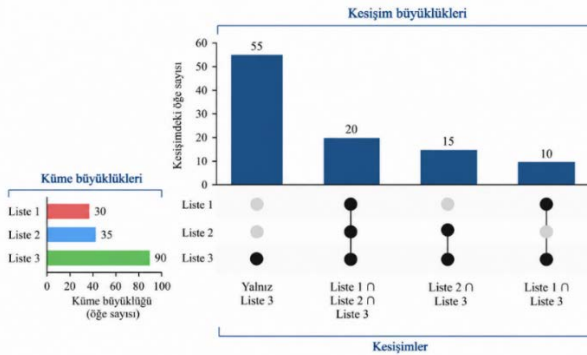
Şekil 3. RPKM, DESeq ve FQ veri listeleri arasındaki küme ilişkilerinin R programlama dilinde eulerr paketi kullanılarak Euler diyagramı ile görselleştirilmesi

Şekil 3 incelendiğinde, eulerr paketinin küme ve kesişim büyüklüklerini alanlarla orantılı biçimde temsil ettiği görülmektedir. Bu kapsamda, kesişim büyüklükleri arasındaki

belirgin farklılıkların bazı bölgelerin daralmasına ve küme sınırlarının birbirine yaklaşmasına yol açtığı göstermektedir. Bu durum, özellikle küçük kesişim bölgelerinin görsel olarak ayırt edilmesini zorlaştırmaktadır. Üç küme ile gösterilen yukarıdaki şekilde, her dairenin boyutu, ilgili kümedeki eleman sayısına karşılık gelmektedir. Daha büyük daireler daha fazla eleman sayısını göstermektedir.

2.3. UpSet Grafikleri

UpSet grafiği, 3 ile 40 küme içeren karmaşık veri kümelerini işleyebilen, küme kesişimlerinin nicel analizi için özel olarak tasarlanmış yenilikçi bir görselleştirme tekniği olarak ortaya çıkmaktadır (Yang vd., 2024). Bu grafikler, özellikle çok sayıda veri kümesinin karşılaştırılmasında kullanılan alternatif bir görselleştirme yöntemidir. İki sunum moduyla, hem boş olmayan hem de boş kesişimler görselleştirilmektedir (Yang vd., 2024). Çok sayıda küme arasındaki karmaşık ilişkilerin sistematik biçimde incelenmesine olanak sağlamaktadır (Yang vd., 2024). Venn diyagramları ve Upset grafiği, genellikle aynı senaryo altında kullanılan iki görselleştirme yöntemidir. Upset grafiğinin çizimi, R platformundaki UpsetR paketi tarafından desteklenmektedir (Gao vd., 2024). Şekil 4'te UpSet grafiğine ilişkin örnek bir görselleştirme sunulmuştur.

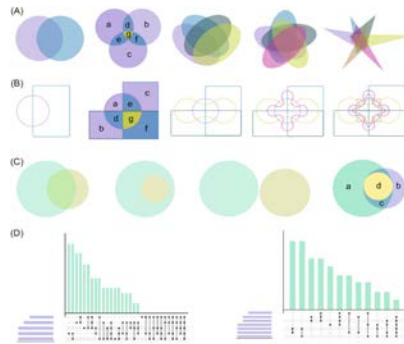


Şekil 4. UpSet grafiğinin temel bileşenlerinin temsili bir örnek üzerinden gösterimi

Şekil 4'te gösterilen grafik, üç temel bileşenden oluşmaktadır. Bu bileşenler; her bir kümedeki toplam eleman sayısını gösteren yatay çubuk grafik, küme kesişimlerindeki eleman sayılarını gösteren dikey çubuk grafik ve kesişime katılan kümeleri bağlantılı noktalarla temsil eden matrisdir.

2.4. Yaklaşımların Avantajları ve Sınırlılıkları

Yukarıda sunulan örneklerden de anlaşılabacağı üzere Venn, Euler ve UpSet yaklaşımları, veri kümeleri arasındaki ilişkilerin görselleştirilmede kendilerine özgü avantaj ve sınırlılıklara sahiptir. Venn ve Euler diyagramları, az sayıda kümenin karşılaştırılmasında basit, anlaşılır ve sezgisel bir gösterim sunarken, küme sayısının artmasıyla birlikte görsel karmaşıklık artmakta ve kesişim bölgelerinin yorumlanması zorlaşmaktadır. Buna karşılık UpSet grafikleri, özellikle çok sayıda kümenin ve bunlar arasındaki kesişimlerin daha düzenli ve sistematik biçimde görselleştirilmesine olanak sağlamaktadır. Bu nedenle uygun görselleştirme yaklaşımının seçiminde küme sayısı, kesişimlerin yapısı, verilerin karmaşıklığı ve görselleştirme amacı dikkate alınmaktadır. Şekil 5'te Venn, Edwards-Venn ve Euler diyagramları ile UpSet grafiklerine ilişkin örnek görselleştirmeler yer almaktadır.



Şekil 5. (A) Venn diyagramları, (B) Edwards-Venn diyagramları, (C) Euler diyagramları ve (D) UpSet grafikleri görselleri.

Kaynak: Yang ve ark. (2024)

Şekil 5’te veri kümelerinin karşılaştırılmasında kullanılan farklı görselleştirme yaklaşımları bir arada sunulmuştur. Araştırmacılar, çalışmalarının amacı, veri kümelerinin sayısı ve yapısı doğrultusunda ihtiyaçlarına en uygun görselleştirme yaklaşımını tercih edebilirler.

3. BİYOİNFORMATİKTE KULLANILAN KÜME KARŞILAŞTIRMA VE GÖRSELLEŞTİRME ARAÇLARI

Biyolojik bilimlerde gen, protein, organizma ve diğer biyolojik varlıklara ait veri kümelerinin karşılaştırılması sıklıkla gerekmektedir (Heberle vd., 2015). Bu amaçla, veri listeleri arasındaki ortak ve farklı elemanların belirlenmesine ve görselleştirilmesine olanak sağlayan çeşitli araçlar geliştirilmiştir. Bu araçların bir kısmı biyolojik verilerin analizine yönelik özel işlevler sunarken, diğerleri farklı bilimsel alanlarda da kullanılabilen genel amaçlı görselleştirme araçlarıdır. Özellikle Venn diyagramları, veri kümeleri arasındaki ilişkilerin görsel olarak değerlendirilmesini sağlayarak farklı disiplinlerdeki araştırmacılara kolaylık sunmaktadır (Jia vd., 2021).

Venn diyagramlarının 1880 yılında John Venn tarafından ortaya konulmasının (Venn 1880) ardından, bilgisayar destekli küme karşılaştırma ve görselleştirme uygulamaları zaman içerisinde gelişmiştir. Bu kapsamda Venny (Oliveros, 2007–2015), BioVenn (Hulsen, De Vlieg, ve Alkema 2008), VennDiagram (Chen ve Boutros 2011), jVenn (Bardou vd., 2014), UpSet (Lex vd., 2014), InteractiVenn (Heberle vd., 2015), VennPainter (Lin vd., 2016), UpSetR (Conway, Lex, ve Gehlenborg 2017), ggVennDiagram (Gao vd., 2024) ve EVenn (Yang vd., 2024) gibi çeşitli araç ve yaklaşımlar geliştirilmiştir.

Bu araçlar; destekledikleri küme sayısı, veri giriş yöntemleri, görselleştirme biçimleri, etkileşim ve özelleştirme

özellikleri ile çıktı seçenekleri bakımından farklılık göstermektedir. Küme karşılaştırma ve görselleştirme araçlarının kronolojik gelişimi ve temel özellikleri Tablo 1'de sunulmuştur.

Tablo 1. Küme karşılaştırma ve görselleştirme araçlarının kronolojik gelişimi ve temel özellikleri

Araç/ Yaklaşım	Yıl	Temel özellik	Kaynak
Venn diyagramı	1880	Kümeler arasındaki ortak ve özgün öğeler kapalı şekiller ile göstermek için kullanılmaktadır.	Venn (1880)
GeneVenn	2006 / 2007	Mikrodizilim çalışmalarından elde edilen gen listelerini karşılaştırmak için geliştirilmiştir. Araştırmacılar, karmaşık genetik veriler arasındaki mantıksal ilişkileri görselleştirmek amacıyla bu platformda iki veya üç farklı grubu kapsayan Venn diyagramları oluşturabilmektedir.	Pirooznia vd., (2007)
Venny	2007	Venny, Oliveros (2007-2015) tarafından geliştirilen, listelerin Venn diyagramları aracılığıyla karşılaştırılmasına olanak sağlayan web tabanlı etkileşimli bir araçtır.	Oliveros (2007-2015)
BioVenn	2008	Biyolojik veri listelerinin alanla orantılı Venn diyagramlarıyla karşılaştırılması; farklı biyolojik tanımlayıcı türlerini ve otomatik veri türü belirleme özelliğini desteklemektedir. İki veya üç tanımlayıcı listesi arasındaki örtüşmeyi alan oranlı Venn diyagramları kullanarak bir web uygulaması olarak tasarlanmıştır.	Hulsen vd., (2008)
VennDiagram	2011	R programlamada, Venn ve Euler diyagramları oluşturur ve çok sayıda özelleştirilebilir özellik sunmaktadır.	Chen & Boutros (2011)
jVenn	2014	jvenn, biyolojik veri kümelerini karşılaştırmak için geliştirilmiş, JavaScript tabanlı ve etkileşimli bir Venn diyagramı görüntüleyicidir. Geleneksel yöntemlerin aksine altı farklı listeye kadar karmaşık verileri işleyebilen bu araç, verileri hem klasik hem de Edwards-Venn düzeninde sunabilmektedir. Kullanıcılar, dinamik arayüz sayesinde belirli kesişim kümelerini filtreleyebilir, arayabilir ve istatistiksel grafiklerle verilerin dağılımını detaylıca inceleyebilirler. Açık kaynaklı bir yapıya sahip olan yazılım, herhangi bir kurulum gerektirmeden doğrudan web tarayıcıları üzerinden veya başka web sayfalarına entegre edilerek kullanılabilir. Özellikle yüksek verimli biyolojik analizlerde büyük kolaylık sağlamaktadır.	Bardou vd., (2014)
UpSet	2014	UpSet, küme kesişimlerini bir matris düzeninde görselleştirir ve gruplamalara ve sorgulara dayalı toplamlar sunmaktadır. Çeşitli alanlardan birden fazla kullanım durumunda genel kullanışlılığa sahiptir. UpSet, verimli, anlaşılması ve kullanımı kolay bir küme görselleştirme tekniği oluşturmaktadır.	Lex vd., (2014)
InteractVenn	2015	Web tabanlı ve etkileşimli Venn diyagramlarıyla küme analizi yapılmaktadır. InteractVenn, altı kümeye kadar ardışık birleşimlerin etkisini etkileşimli olarak görselleştirme olanağı sağlayarak kullanıcının veri analiz kapasitesini artırmaktadır.	Heberle vd., (2015)
VennPainter	2016	Çoklu gen listelerinin karşılaştırılması ve aday genlerin belirlenmesinde kullanılmaktadır. İç içe Venn düzeni sunan bir programdır. VennPainter'i diğer mevcut araçlardan daha verimli veri işleme yeteneğine sahip kılan çeşitli özellikler vardır. VennPainter, Windows, Linux ve Mac işletim sistemleriyle çalışmaktadır.	Lin vd., (2016)
UpSetR	2017	UpSet yaklaşımının R ortamında uygulanması ve özelleştirilmesinde kullanılmaktadır.	Conway vd., (2017)
ggVenn Diagram	2024	R/ggplot2 tabanlı Venn diyagramlarının oluşturulması ve görselleştirilmesinde kullanılmaktadır.	(Gao vd., 2024)
EVenn	2024	Etkileşimli ve farklı Venn gösterimlerini destekleyen güncel web tabanlı yaklaşımdır. EVenn; standart ve Edwards Venn şemaları, Euler diyagramları, UpSet grafikleri, çiçek plotları ile Venn ağırları gibi farklı veri kümelerine uygun çeşitli görselleştirme araçlarını tek bir arayüzde birleştirmektedir. Ayrıca standartlaştırılmış veri formatları ve veri merkezi özellikleri sayesinde araştırmacıların metabolomik, genomik, transkriptomik ve proteomik alanlarındaki karmaşık verileri kolayca yüklemesini ve analiz etmesini sağlamaktadır.	Yang vd., (2024)

Tablo 1'de sunulan araçlar, farklı görselleştirme yaklaşımlarıyla veri kümeleri arasındaki ilişkilerin görsel olarak incelenmesine olanak sağlamaktadır. Küme karşılaştırma

araçlarının seçiminde yalnızca desteklenen küme sayısı değil, veri giriş biçimi, etkileşimli analiz olanakları ve çıktı seçenekleri de dikkate alınmalıdır. Web tabanlı araçlar kurulum gerektirmeden hızlı görselleştirme olanağı sunarken, R tabanlı paketler analizlerin özelleştirilmesi ve tekrarlanabilirliği açısından avantaj sağlamaktadır.

4. SONUÇ

Sonuç olarak, biyoinformatikte küme karşılaştırma ve görselleştirme araçlarının seçimi; veri yapısı, karşılaştırılan küme sayısı ve analiz amacı doğrultusunda yapılmalıdır. Amaca uygun araçların kullanılması, biyolojik veriler arasındaki ilişkilerin daha açık ve etkili biçimde değerlendirilmesine katkı sağlamaktadır. Bu durum bilgilerin daha kolay anlaşılmasına katkı sağlamaktadır. Küme karşılaştırmalarında araştırmacılar, kullanıcı dostu, sade ve anlaşılır görseller oluşturulmasına olanak sağlayan araçları tercih etmektedir.

Bilim insanlarının biyolojik verileri yorumlamasını kolaylaştıran, dağınık platformlar arası geçiş zorluğunu ortadan kaldıran ve veriye dayalı kararlar almayı destekleyen değerli çevrim içi kaynakların sunulması önemlidir (Yang vd., 2024).

KAYNAKÇA

- Bardou, Philippe, Jérôme Mariette, Frédéric Escudié, Christophe Djemiel, and Christophe Klopp. 2014. “Jvenn: An Interactive Venn Diagram Viewer.” *BMC Bioinformatics* 15(1):293. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-15-293>
- Chen, Hanbo, and Paul C. Boutros. 2011. “VennDiagram: A Package for the Generation of Highly-Customizable Venn and Euler Diagrams in R.” *BMC Bioinformatics* 12(1):35. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-35>
- Chen, Tong, Yong-Xin Liu, Tao Chen, Mei Yang, Siqing Fan, Minglei Shi, Buqing Wei, Huijiao Lv, Wandi Cao, and Chongming Wang. 2024. “ImageGP 2 for Enhanced Data Visualization and Reproducible Analysis in Biomedical Research.” *Imeta* 3(5):e239. <https://doi.org/10.1002/imm3.70038>
- Conway, Jake R., Alexander Lex, and Nils Gehlenborg. 2017. “UpSetR: An R Package for the Visualization of Intersecting Sets and Their Properties.” *Bioinformatics* 33(18):2938–40. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx364>
- Gao, Chun-Hui, Chengjie Chen, Turgut Akyol, Adrian Dusa, Guangchuang Yu, Bin Cao, and Peng Cai. 2024. “GgVennDiagram: Intuitive Venn Diagram Software Extended.” *Imeta* 3(1):e177. <https://doi.org/10.1002/imt2.177>
- Heberle, Henry, Gabriela Vaz Meirelles, Felipe R. da Silva, Guilherme P. Telles, and Rosane Minghim. 2015. “InteractiVenn: A Web-Based Tool for the Analysis of Sets through Venn Diagrams.” *BMC Bioinformatics* 16(1):169. <https://doi.org/10.1186/s12859-015-0611-3>
- Hulsen, Tim, Jacob De Vlieg, and Wynand Alkema. 2008.

- “BioVenn—a Web Application for the Comparison and Visualization of Biological Lists Using Area-Proportional Venn Diagrams.” *BMC Genomics* 9(1):488. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-9-488>
- Jia, Anqiang, Ling Xu, and Yi Wang. 2021. “Venn Diagrams in Bioinformatics.” *Briefings in Bioinformatics* 22(5):bbab108. <https://doi.org/10.1093/bib/bbab108>
- Lex, Alexander, Nils Gehlenborg, Hendrik Strobelt, Romain Vuillemot, and Hanspeter Pfister. 2014. “UpSet: Visualization of Intersecting Sets.” *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics* 20(12):1983–92. <https://doi.org/10.1109/TVCG.2014.2346248>
- Lin, Anqi, Junpu Ye, Chang Qi, Lingxuan Zhu, Weiming Mou, Wenyi Gan, Dongqiang Zeng, Bufu Tang, Mingjia Xiao, and Guangdi Chu. 2025. “Bridging Artificial Intelligence and Biological Sciences: A Comprehensive Review of Large Language Models in Bioinformatics.” *Briefings in Bioinformatics* 26(4):bbaf357. <https://doi.org/10.1093/bib/bbaf357>
- Lin, Guoliang, Jing Chai, Shuo Yuan, Chao Mai, Li Cai, Robert W. Murphy, Wei Zhou, and Jing Luo. 2016. “VennPainter: A Tool for the Comparison and Identification of Candidate Genes Based on Venn Diagrams.” *PloS One* 11(4):e0154315. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0154315>
- Venn, John. 1880. “I. On the Diagrammatic and Mechanical Representation of Propositions and Reasonings.” *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science* 10(59):1–18. <https://doi.org/10.1080/14786448008626877>

- Yang, Mei, Tong Chen, Yong-Xin Liu, and Luqi Huang. 2024. “Visualizing Set Relationships: EVenn’s Comprehensive Approach to Venn Diagrams.” *Imeta* 3(3):e184. <https://doi.org/10.1002/imt2.184>
- Zhang, Shujun, Kaijie Liu, Yafeng Liu, Xinjun Hu, and Xinyu Gu. 2025. “The Role and Application of Bioinformatics Techniques and Tools in Drug Discovery.” *Frontiers in Pharmacology* 16:1547131. <https://doi.org/10.3389/fphar.2025.1547131>
- Zhou, Juexiao, Jindong Jiang, Zhongyi Han, Zijian Wang, and Xin Gao. 2025. “Streamline Automated Biomedical Discoveries with Agentic Bioinformatics.” *Briefings in Bioinformatics* 26(5):bbaf505. <https://doi.org/10.1093/bib/bbaf505>

VERİ LİSTELERİNİN KARŞILAŞTIRILMASINDA WEB TABANLI ARAÇLARIN İNCELENMESİ

Ayşe Banu PAK PEHLEVAN¹

1. GİRİŞ

Teknolojideki gelişmelerle birlikte sıklıkla büyük miktarda veri üretilmekte ve bu da giderek daha karmaşık veri ilişkilerine yol açmaktadır (Jia, Xu, ve Wang 2021). Araştırmacılar, biyolojik süreçlere ilişkin anlamlı bilgiler edinmek için bu büyük miktardaki verileri görselleştirmektedir (Yang vd., 2024).

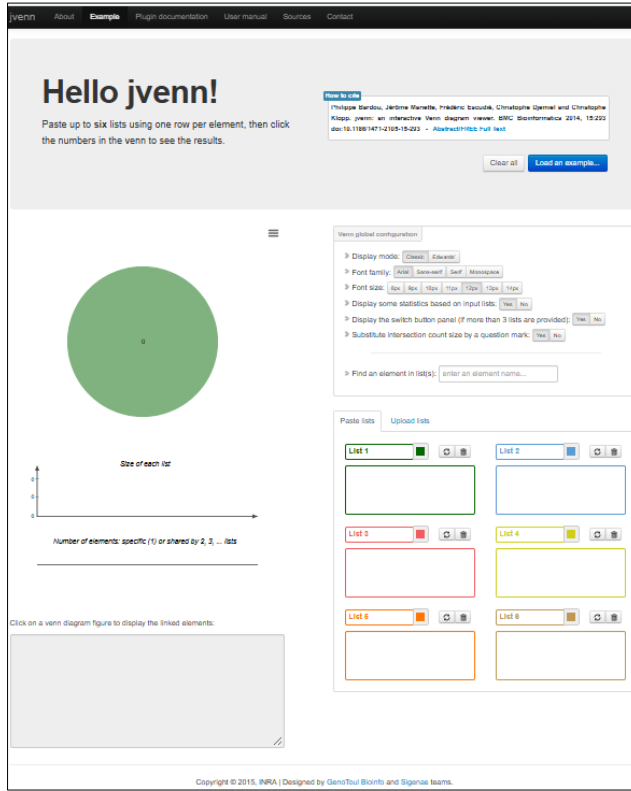
Bu kitap bölümünde, veri listelerinin karşılaştırılması ve Venn diyagramları aracılığıyla görselleştirilmesinde kullanılan web tabanlı araçlardan Venny 2.1, jVenn ve InteractiVenn incelenmiştir. Araçlar; veri girişi, liste yönetimi, kesişim analizi, görselleştirme, etkileşim ve sonuçların dışa aktarılması gibi temel özellikleri açısından değerlendirilmiş ve karşılaştırılmıştır.

1.1. Jvenn

jVenn, Bardou ve arkadaşları tarafından 2014 yılında biyolojik veri listelerinin karşılaştırılması ve kesişimlerin etkileşimli Venn diyagramları aracılığıyla görselleştirilmesi amacıyla geliştirilmiştir (Bardou vd., 2014). JavaScript tabanlı bir kütüphane ve web uygulaması olan araca jVenn web sayfası (<https://jvenn.toulouse.inrae.fr/app/example.html>) üzerinden erişilebilmektedir.

¹ Öğr. Gör. Dr., Trabzon Üniversitesi, ORCID: 0000-0002-9490-3504.

jVenn, altı listeye kadar karşılaştırmayı desteklemekte ve kesişim sonuçlarının klasik Venn veya Edwards-Venn gösterimleriyle sunulmasına olanak sağlamaktadır. Dört listeye kadar klasik Venn gösterimi kullanılabilirken, liste sayısının artmasıyla ortaya çıkan görsel karmaşıklığı azaltmak amacıyla beş ve altı listenin görselleştirilmesinde Edwards' Venn gösterimi önerilmektedir. jVenn, listelerin doğrudan arayüze yapıştırılmasının yanı sıra dosya yükleme yoluyla veri girişini de desteklemektedir. jVenn'in web tabanlı kullanıcı arayüzünün ana sayfa görünümü Şekil 1'de sunulmuştur.



Şekil 1. jVenn web tabanlı kullanıcı arayüzünün ana sayfa görünümü

1.1.1. jVenn'de Gözlenen Özellikler

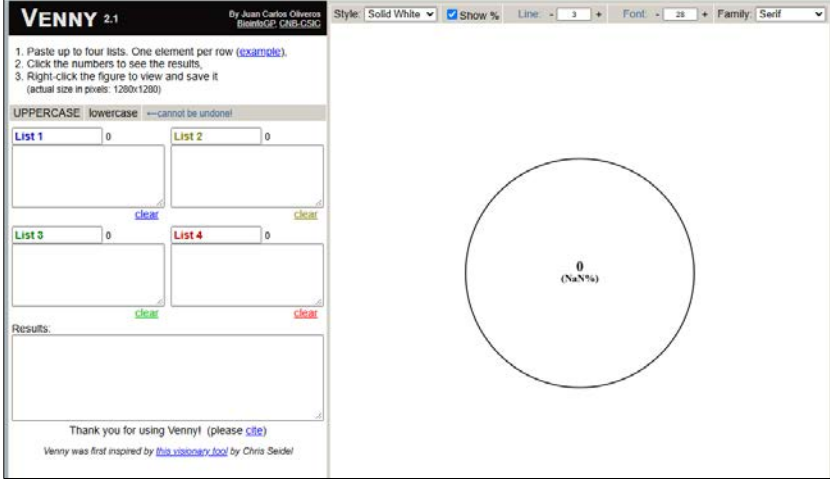
jVenn, veri listelerinin karşılaştırılması ve kesişimlerin görselleştirilmesine yönelik çeşitli etkileşimli işlevler sunmaktadır. Ana sayfa görünümünde sabit altı liste giriş alanı bulunmaktadır. "Load an example..." seçeneğiyle örnek veri yüklenmektedir. Aynı liste içerisinde birden fazla kez bulunan elemanlar analiz sırasında tek bir eleman olarak değerlendirilmektedir. Bununla birlikte tekrar eden elemanlara ilişkin bilgi kullanıcıya gösterilmektedir. Araçta bulunan "Find an element in list(s)" işlevi sayesinde belirli bir eleman aranabilmekte ve bu elemanın bulunduğu liste veya kesişim bölgeleri diyagram üzerinde vurgulanmaktadır. Diyagram üzerinde seçilen bir kesişim bölgesine ait elemanlar sonuç alanında metinsel olarak görüntülenebilmektedir.

jVenn ile oluşturulan diyagramların görsel olarak düzenlenmesine yönelik çeşitli seçenekleri sunmaktadır. Ancak bazı özelliklerinde sınırlılıklar vardır. Örneğin; yazı boyutu sadece 8-14 piksel aralığında değiştirilebilmektedir. Yazı tipi olarak Arial, Sans-serif, Serif ve Monospace seçenekleri kullanılabilir. Seçilen yazı tipi liste, liste adlarına ve diyagram içerisindeki metinlere birlikte uygulanmaktadır. Kesişim elemanları sonuç alanında görüntülenebilmesine karşın, sonuçların farklı metin düzenlerinde sunulması ve yeniden kullanılmasına yönelik çıktı seçenekleri açısından aracın belirli sınırlılıkları da mevcuttur.

1.2. Venny 2.1

Venny 2.1, veri listelerinin karşılaştırılması ve sonuçların Venn diyagramları aracılığıyla görselleştirilmesi amacıyla kullanılan web tabanlı, etkileşimli bir araçtır (Oliveros 2016). Venny 2.1 web sayfası (<https://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>) üzerinden erişilebilmektedir. Tarayıcı üzerinden çalışan araç, aynı anda en fazla dört veri listesinin

karşılaştırılmasını desteklemektedir. Venny 2.1'in web tabanlı kullanıcı arayüzünün ana sayfa görünümü Şekil 2'de sunulmuştur.



Şekil 2. Venny kullanılarak oluşturulan örnek Venn diyagramı

1.2.1. Venny'de Gözlenen Özellikler

Venny 2.1'in kullanıcı arayüzünde dört ayrı liste giriş alanı bulunmaktadır. Liste içerisinde her bir eleman ayrı bir satıra girilmektedir. Girilen eleman sayısı otomatik olarak hesaplanarak ilgili liste alanının yanında gösterilmektedir. Aynı liste içerisinde tekrarlanan elemanlar analiz sırasında tekilleştirilmekte, ancak hangi elemanların tekrar ettiği, kullanıcıya ayrıca sunulmamaktadır. “UPPERCASE” ve “lowercase” seçenekleriyle liste elemanları toplu olarak büyük veya küçük harfe dönüştürülebilmektedir. Ayrıca listeler ayrı ayrı temizlenmektedir. “Example” seçeneği aracılığıyla örnek veriler yüklenebilmektedir. İncelenen arayüzde belirli bir elemanın aranmasına veya verilerin doğrudan dosya yükleme yoluyla aktarılmasına yönelik ayrı bir seçenek gözlenmemiştir.

Araç, girilen veri listeleri arasındaki ortak ve listeye özgü elemanları belirleyerek ilgili bölgelerdeki eleman sayılarını Venn diyagramı üzerinde göstermektedir. Kesişim bölgelerine ait

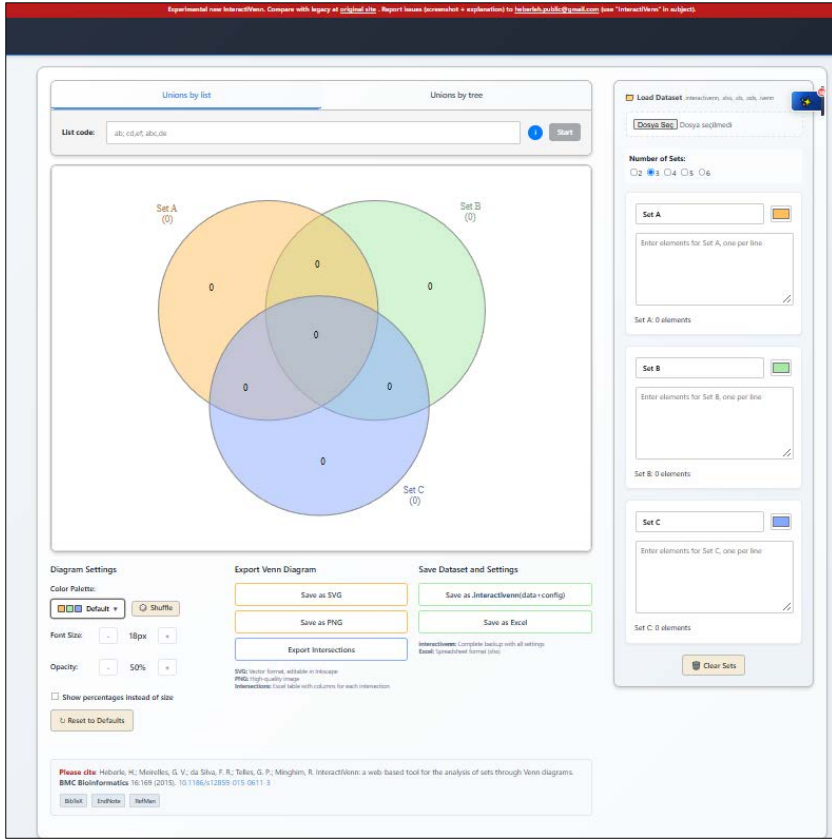
yüzdelere de görüntülenebilmektedir. Diyagram üzerinde bir bölge seçildiğinde, bu bölgeye ait elemanlar “Results” alanında metinsel olarak sunulmaktadır. Bununla birlikte, sonuçların farklı araçlar veya metin düzenleri kullanılarak görüntülenmesine yönelik ayrı seçenekler bulunmamaktadır.

Venny 2.1, diyagramların görsel olarak düzenlenmesine yönelik çeşitli özelleştirme seçenekleri sunmaktadır. Liste başlıkları ve renkleri değiştirilebilmekte; renkli, düz beyaz ve şeffaf görünüm seçenekleri kullanılabilir. Ayrıca çizgi kalınlığı, yazı boyutu ve yazı tipi kullanıcı tarafından düzenlenebilmektedir. Bununla birlikte, bazı görsel özelliklerin birbirinden bağımsız olarak değiştirilmesi sınırlıdır. Örneğin, çizgi kalınlığı ayarlanabilirken çizgi renginin ve saydamlık düzeyinin bağımsız olarak düzenlenmesine yönelik seçenekler gözlenmemiştir.

1.3. InteractiVenn

InteractiVenn, altı kümeye kadar Venn diyagramlarının oluşturulmasını ve kümeler arasındaki ilişkilerin etkileşimli olarak incelenmesini destekleyen ücretsiz, web tabanlı bir araçtır (Heberle vd., 2015). Araç, veri listelerinin karşılaştırılmasına, kesişimlerin hesaplanmasına ve elde edilen sonuçların görselleştirilmesine olanak sağlamaktadır. Özellikle ardışık küme birleşimlerinin etkisinin etkileşimli olarak gösterilebilmesi, çoklu kümeler arasındaki ilişkilerin incelenmesinde öne çıkan özelliklerinden biridir (Heberle vd., 2015).

HTML ve JavaScript tabanlı olarak geliştirilen InteractiVenn, etkileşimli görselleştirme işlevlerinde çeşitli JavaScript kütüphanelerinden yararlanmaktadır. Web tabanlı yapısı sayesinde ek yazılım kurulumu gerektirmeden tarayıcı üzerinden kullanılabilir. Aracı InteractiVenn web sayfası (<https://www.interactivenn.net/>) üzerinden erişilebilmektedir. Kullanıcı arayüzünün ana sayfa görünümü Şekil 3'te sunulmuştur.



Şekil 3. InteractiVenn web tabanlı kullanıcı arayüzünün ana sayfa görünümü

1.3.1. InteractiVenn'de Gözlenen Özellikler

InteractiVenn, veri listelerinin karşılaştırılmasına yönelik çeşitli veri giriş seçenekleri sunmaktadır. Her listeye girilen eleman sayısı, ilgili giriş alanının altında otomatik olarak gösterilmektedir. Tekrarlanan elemanlar tespit edilerek kullanıcıya bildirilmekte ve “Remove All Duplicates Automatically” seçeneğiyle kaldırılabilir. Veriler doğrudan arayüze yapıştırılabildiği gibi .xlsx, .xls, .ods ve araca özgü dosya formatları aracılığıyla da yüklenebilmektedir. Bununla birlikte, incelenen sürümde .txt dosyalarının doğrudan yüklenmesine, hazır örnek verilerle analiz başlatılmasına ve

belirli bir elemanın liste içerisinde aranmasına yönelik ayrı seçenekler gözlenmemiştir.

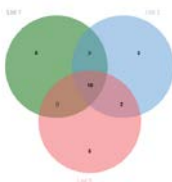
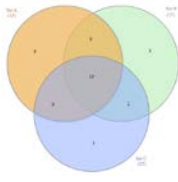
Analiz sonucunda Venn diyagramı üzerindeki bir kesişim bölgesi seçildiğinde, ilgili elemanlar açılan pencerede görüntülenebilmekte ve “Copy” seçeneğiyle kopyalanabilmektedir. Ayrıca kesişim sonuçları “Export Intersections” seçeneği aracılığıyla Excel formatında dışa aktarılabilir. Bununla birlikte, sonuçların farklı ayrıçlarla kopyalanmasına veya doğrudan .txt formatında kaydedilmesine yönelik ayrı seçenekler gözlenmemiştir.

InteractiVenn, diyagramların görsel olarak düzenlenmesine yönelik çeşitli özelleştirme seçenekleri sunmaktadır. Kullanıcı arayüzünde renk, yazı boyutu ve opaklık gibi görsel özelliklere ilişkin ayarlar bulunmaktadır. Ayrıca oluşturulan diyagramların SVG ve PNG formatlarında dışa aktarılmasına yönelik seçenekler sunulmaktadır.

2. ARAÇLARIN KARŞILAŞTIRMALI DEĞERLENDİRİLMESİ

Bu başlık altında, Venn diyagramlarının oluşturulmasında kullanılan 3 farklı araç temel özellikleri açısından karşılaştırmalı olarak değerlendirilmiştir. Araçlar; destekledikleri küme sayısı, veri giriş yöntemleri, görselleştirme ve özelleştirme seçenekleri, etkileşim özellikleri ve çıktı formatları açısından incelenmiştir. İncelenen araçların temel özellikleri ve aralarındaki farklılıklar Tablo 1’de karşılaştırmalı olarak sunulmuştur. Küme karşılaştırma ve görselleştirme araçları; desteklenen veri kümesi sayısı, görselleştirme seçenekleri, özelleştirme olanakları ve çıktı özellikleri bakımından farklılık gösterebilmektedir (Jia vd., 2021).

Tablo 1. İncelenen araçların temel özelliklerinin karşılaştırılması

Değerlendirme ölçütü	Venny	jVenn	InteractiVenn
			
Desteklenen maksimum liste/küme sayısı	4	6	6
Veri giriş yöntemleri	Kopyala-yapıştır	Kopyala-yapıştır, dosya yükleme	Kopyala-yapıştır, dosya yükleme
Venn/UpSet görselleştirme seçenekleri	Venn	Venn	Venn
Kesişim verilerinin görüntülenmesi	Var	Var	Var
Özelleştirme olanakları	Temel	Gelişmiş	Gelişmiş
Görsel ve veri dışı aktarma seçenekleri	Görsel/çıktı seçenekleri	SVG/PNG ve veri çıktıları	Görsel ve veri çıktıları
Kullanım kolaylığı	Kolay	Kolay	Kolay
Güçlü yönler	Basit ve hızlı kullanım	Etkileşimli ve özelleştirilebilir yapı	Çoklu kümeler ve etkileşimli kullanım
Sınırlılıklar	Küme sayısı ve gelişmiş özellikler sınırlı	Çoklu kümelerde görsel karmaşıklık	Çoklu kümelerde görsel karmaşıklık

Tablo 1’de Venny, jVenn ve InteractiVenn araçlarının temel özellikleri karşılaştırmalı olarak sunulmuştur. İncelenen araçların tamamı Venn diyagramları aracılığıyla veri listelerinin karşılaştırılmasına ve kesişimlerin görselleştirilmesine olanak sağlamaktadır. Venny en fazla dört veri listesini desteklerken, jVenn ve InteractiVenn altı veri listesine kadar karşılaştırma

yapabilmektedir. Venny, sade arayüzü ve temel görselleştirme özellikleriyle öne çıkarken, jVenn ve InteractiVenn daha gelişmiş özelleştirme ve veri dışı aktarma seçenekleri sunmaktadır. Bununla birlikte, her üç araçta da karşılaştırılan liste sayısının artması görsel karmaşıklığa neden olabilmektedir.

3. SONUÇ

İncelenen araçların özellikleri, ilgili web sitelerinde kullanılarak değerlendirilmiştir. Bu kapsamda araçların veri giriş yöntemleri, görselleştirme seçenekleri, özelleştirme olanakları ve çıktı alma özellikleri karşılaştırmalı olarak incelenmiştir.

İncelenen web tabanlı araçlar, veri listeleri arasındaki ortak ve farklı elemanların belirlenmesi ve sonuçların Venn diyagramlarıyla görselleştirilmesi açısından benzer temel işlevler sunmaktadır. Bununla birlikte araçlar; desteklenen liste sayısı, veri giriş yöntemleri, tekrarlanan elemanların yönetimi, görsel özelleştirme ve sonuçların dışı aktarılması bakımından farklılık göstermektedir.

Genel olarak araç seçimi, karşılaştırılacak veri listelerinin sayısı, görselleştirme gereksinimleri ve araştırmanın amacı doğrultusunda yapılmalıdır.

KAYNAKÇA

- Bardou, Philippe, Jérôme Mariette, Frédéric Escudié, Christophe Djemiel, and Christophe Klopp. 2014. “Jvenn: An Interactive Venn Diagram Viewer.” *BMC Bioinformatics* 15(1):293. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-15-293>
- Heberle, Henry, Gabriela Vaz Meirelles, Felipe R. da Silva, Guilherme P. Telles, and Rosane Minghim. 2015. “InteractiVenn: A Web-Based Tool for the Analysis of Sets through Venn Diagrams.” *BMC Bioinformatics* 16(1):169. <https://doi.org/10.1186/s12859-015-0611-3>
- Jia, Anqiang, Ling Xu, and Yi Wang. 2021. “Venn Diagrams in Bioinformatics.” *Briefings in Bioinformatics* 22(5):bbab108. <https://doi.org/10.1093/bib/bbab108>
- Oliveros, Juan Carlos. 2016. “Venny. An Interactive Tool for Comparing Lists with Venn’s Diagrams. 2007–2015.” GoogleScholar
- Yang, Mei, Tong Chen, Yong-Xin Liu, and Luqi Huang. 2024. “Visualizing Set Relationships: EVenn’s Comprehensive Approach to Venn Diagrams.” *Imeta* 3(3):e184. <https://doi.org/10.1002/imt2.184>

BIYOENFORMATİKTE KÜME GÖRSELLEŞTİRME: INTERVENE, UPSETR VE EULERR

Sinem ÖZDEMİR¹

1. GİRİŞ

Yeni nesil dizileme çalışmalarında elde edilen veri çeşitliliğinin ve miktarının artmasıyla verilerin anlaşılır ve etkili biçimde görselleştirmesi önem kazanmıştır. Venn (1880) tarafından geliştirilen Venn diyagramları ve Edwards (2004) tarafından ele alınan Edwards Venn diyagramları, kümeler arasındaki kesişimlerin görselleştirilmesinde kullanılan geleneksel yöntemlerdir. Ancak özellikle dörtten fazla kümenin karşılaştırılmasında, kesişim bölgelerinin sayısının artması görsellerin okunabilirliğini ve yorumlanmasını güçleştirebilmektedir. UpSet grafikleri, küme kesişimlerini matris tabanlı bir yapıda göstererek kesişim büyüklüklerinin sıralanmasına ve belirli kesişimlerin filtrelenmesine olanak sağlamaktadır (Lex ve ark., 2014). Bununla birlikte, küme ve kesişim sayısının çok yüksek olduğu durumlarda UpSet grafiklerinin de okunabilirliği azalabilmektedir. Khan ve Mathelier (2017), gen listeleri veya genomik bölge kümeleri arasındaki kesişimlerin hesaplanması ve farklı grafik türleriyle görselleştirilmesi amacıyla Intervene yazılımını geliştirmiştir.

¹ Araştırma Görevlisi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Tıp Fakültesi, ORCID: 0000-0002-6332-0891.

2. INTERVENE TEMEL ANALİZ MODÜLLERİ

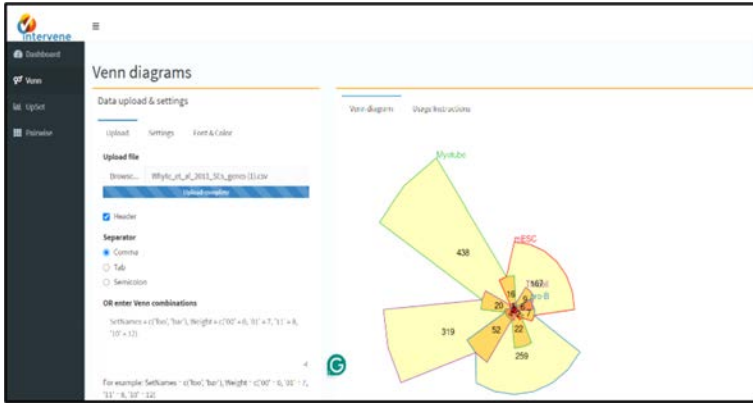
Intervene, gen ve genomik bölge kümeleri arasındaki kesişimlerin analiz edilmesi ve görselleştirilmesi için Venn, UpSet ve Pairwise olmak üzere üç temel analiz modülü sunmaktadır (Khan ve Mathelier, 2017). Bu modüllerde kullanılan giriş veri formatları ve desteklenen veri türleri Tablo 1’de özetlenmiştir.

Tablo 1. Intervene Yazılımının Desteklediği Giriş Veri Formatları (Khan ve Mathelier, 2017)

Arayüz	Giriş formatı	Veri türü
Komut satırı	BED	Genomik bölge kümeleri
Komut satırı	GFF	Genomik bölge kümeleri
Komut satırı	VCF	Genomik bölge kümeleri
Komut satırı	Plain text (TXT)	Gen veya isim listeleri
Shiny web arayüzü	Text/CSV	Her sütunun bir kümeyi temsil ettiği veri dosyaları
Shiny web arayüzü	Binary representation	Kesişimlerin ikili gösterimi
Shiny web arayüzü	Pairwise intersection matrix	İkili kesişim matrisi
Shiny web arayüzü	Overlap count matrix	Kesişim sayılarına ait matris

2.1. Venn Modülü

Intervene, gen listeleri ve genomik bölge kümeleri için altı kümeye kadar klasik Venn diyagramı oluşturabilmektedir. Intervene arayüzünde bulunan örnek dosya üzerinde yapılan görselleştirme Şekil 1’de gösterilmiştir.



Şekil 1. Intervene Venn diyagramı

Yazılımın web arayüzü, ağırlıklı ve ağırlıksız farklı Venn ve Euler diyagramlarının oluşturulmasını desteklemektedir. Bunlar arasında klasik Venn, Chow–Ruskey, Edwards ve Battle diyagramları bulunmaktadır.

2.2.Upset Modülü

Dörtten fazla kümenin karşılaştırılmasında Venn diyagramlarının okunabilirliği azaldığından, çoklu kesişimlerin görselleştirilmesinde UpSet grafikleri alternatif bir yaklaşım sunmaktadır.

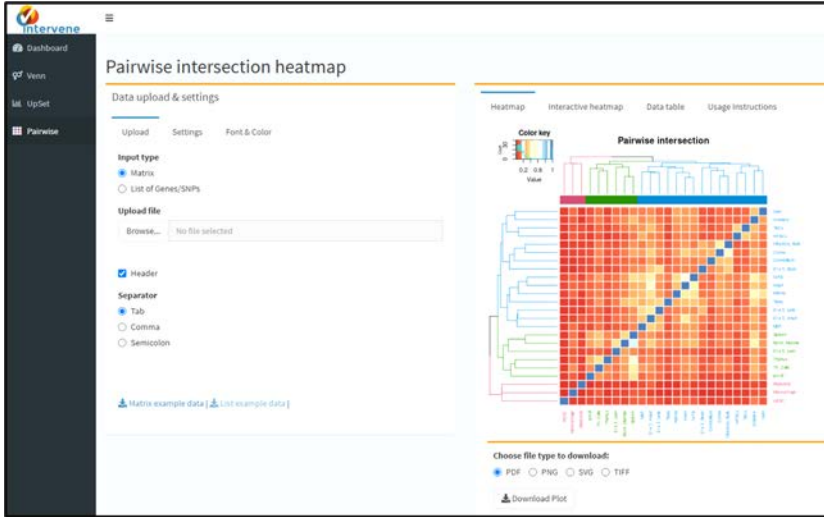


Şekil 2. Intervene web arayüzünde UpSet grafik modülü

Intervene'nin upset modülü, genomik bölge kümeleri arasındaki kesişimleri UpSet grafikleriyle göstermekte ve kesişimlerin frekanslarına göre sıralanmasına olanak tanımaktadır. Şekil 2 incelendiğinde UpSet grafiğinde sol taraftaki yatay çubuklar her hücre tipine ait toplam gen sayısını, üstteki dikey çubuklar ise gen kümelerinin kesişim büyüklüklerini göstermektedir. Alt bölümdeki siyah noktalar ve bağlantı çizgileri, kesişime katılan hücre tiplerini belirtmektedir.

2.3. İkili Kesişim (Pairwise) Modülü

Veri kümesi sayısının artmasıyla tüm olası kesişimlerin Venn veya UpSet grafikleriyle gösterilmesi güçleşmektedir. Bu durumda kümeler arasındaki ikili kesişimlerin hiyerarşik kümeleme uygulanmış ısı haritalarıyla görselleştirilmesi tercih edilebilmektedir.



Şekil 3. Intervene yazılımının ikili kesişim ısı haritası (Pairwise Intersection Heatmap) analiz arayüzü

Şekil 3’de gösterilen Intervene'nin Pairwise modülü, gen veya genomik bölge kümeleri arasındaki ikili kesişimlerin hesaplanmasına ve sonuçların ısı haritalarıyla

görselleştirilmesine olanak sağlamaktadır. Khan ve Mathelier (2017) çalışmasında kesişim sayısı, kesişim oranı, Jaccard indeksi, Fisher kesin testi ve görelî mesafe dağılımı gibi analiz yöntemleri belirtilmiştir. Web arayüzünde korelasyon katsayısı olarak None, Pearson, Spearman ve Kendall; grafik türü olarak ise Heatmap ve Corplot seçenekleri bulunmaktadır. Heatmap, matris değerlerini ısı haritası biçiminde sunarken Corplot, korelasyon veya matris değerlerinin alternatif bir grafiksel gösterimini sağlamaktadır. Ayrıca hiyerarşik kümeleme ve uzaklık ölçüsü seçenekleriyle satır ve sütunların düzenlenmesi mümkündür.

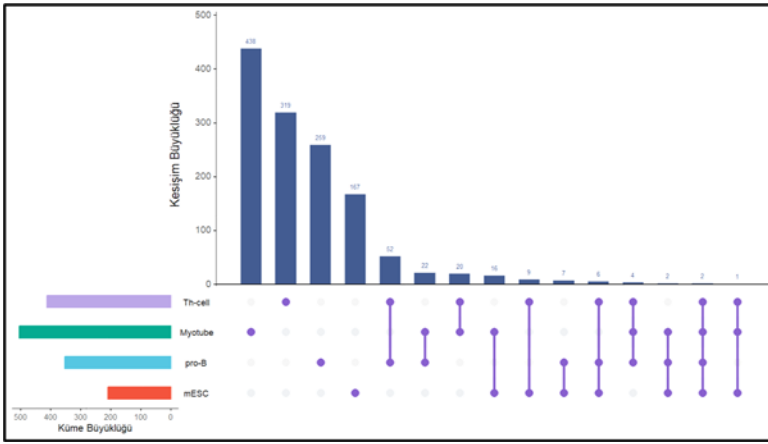
2.4. Avantajlar ve Sınırlılıklar

Intervene, gen listeleri ve genomik bölge kümeleri arasındaki kesişimleri Venn diyagramları, UpSet grafikleri ve ikili kesişim ısı haritaları aracılığıyla analiz etmeye olanak sağlamaktadır. Farklı giriş veri formatlarını desteklemesi, komut satırı ve etkileşimli web arayüzü sunması, grafiklerin görsel özelliklerinin düzenlenebilmesi ve sonuçların farklı dosya formatlarında dışa aktarılabilmesi aracın başlıca avantajlarıdır (Khan ve Mathelier, 2017).

Venn diyagramlarında küme sayısının dördü aşması, kesişim bölgelerinin artmasına ve grafiklerin yorumlanmasının zorlaşmasına neden olmaktadır. UpSet grafikleri daha fazla kümenin karşılaştırılmasına olanak sağlasa da küme sayısı çok arttığında bu grafiklerin okunabilirliği de azalmaktadır. Bu durumlarda ikili kesişimlerin hiyerarşik kümelenmiş ısı haritalarıyla gösterilmesi alternatif bir yaklaşım olarak sunulmaktadır (Khan ve Mathelier, 2017).

3. UpSetR R PAKETİ

Conway ve arkadaşları (2017), küme kesişimlerinin yanı sıra kümelerde yer alan elemanların özelliklerini de incelemek amacıyla UpSetR adlı açık kaynaklı bir R paketi geliştirmiştir. UpSetR, ggplot2 altyapısını kullanarak kümeleri satırlarda, kesişimleri ise sütunlarda gösteren matris tabanlı grafikler oluşturmaktadır. UpSetR paketi ile oluşturulmuş örnek görsel Şekil 4’de sunulmuştur.



Şekil 4. Dört gen kümesinin kesişimlerinin UpSet diyagramı ile görselleştirilmesi

4. eulerr R PAKETİ

eulerr, R ortamında küme ilişkilerini alan-orantılı Euler ve Venn diyagramlarıyla görselleştirmek amacıyla geliştirilmiş bir pakettir. Larsson ve Gustafsson (2018), küme büyüklükleri ve kesişimlerinin geometrik alanlarla temsil edilmesinde sayısal optimizasyona dayalı bir yaklaşım sunmuştur. Paket, kümeler arasındaki ortak ve farklı elemanların görsel olarak karşılaştırılmasına olanak tanımaktadır.



Şekil 5. Dört gen kümesinin kesişimlerinin farklı geometrik gösterimlere dayalı Euler diyagramlarıyla karşılaştırılması (eulerr R Paketi)

eulerr paketi ile oluşturulmuş örnek görsel Şekil 5’de sunulmuştur.

5. SONUÇ

Biyoenformatik çalışmalarında gen ve genomik bölge kümeleri arasındaki kesişimlerin analizi ve görselleştirilmesi analizlerin daha anlaşılır olması açısından önem taşımaktadır. Bu bölümde ele alınan Intervene, UpSetR ve Eulerr araçları, farklı veri yapıları ve analiz gereksinimleri için çeşitli görselleştirme seçenekleri sunmaktadır. Intervene, Venn, UpSet ve Pairwise modülleriyle kesişimlerin farklı düzeylerde incelenmesine; UpSetR, çoklu küme kesişimlerinin ve eleman özelliklerinin birlikte değerlendirilmesine, Eulerr ise küme ilişkilerinin alan-orantılı diyagramlarla gösterilmesine olanak sağlamaktadır. Az sayıda kümenin karşılaştırılmasında Venn ve Euler diyagramları, çoklu kesişimlerin incelenmesinde UpSet grafikleri, ikili

karşılaştırmalarda ise ısı haritaları kullanılabilir. Sonuç olarak, görselleştirme yönteminin küme sayısı, veri yapısı ve analiz amacına göre seçilmesi, biyoenformatik bulguların doğru yorumlanması ve anlaşılır biçimde sunulması açısından önemlidir.

KAYNAKÇA

- Edwards, A. W. F. (2004). Cogwheels of the mind: The story of Venn diagrams. Johns Hopkins University Press.
- Conway, J. R., Lex, A., & Gehlenborg, N. (2017). UpSetR: An R package for the visualization of intersecting sets and their properties. *Bioinformatics*, 33(18), 2938–2940. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx364>
- Khan, A., & Mathelier, A. (2017). Intervene: A tool for intersection and visualization of multiple gene or genomic region sets. *BMC Bioinformatics*, 18, Article 287. <https://doi.org/10.1186/s12859-017-1708-7>
- Larsson, J., & Gustafsson, P. (2018). A case study in fitting area-proportional Euler diagrams with ellipses using eulerr. In *Proceedings of the International Workshop on Set Visualization and Reasoning (CEUR Workshop Proceedings, Vol. 2116, pp. 84–91)*.
- Swinton, J. (2011). Venn diagrams in R with the Vennerable package.
- Venn, J. (1880). On the diagrammatic and mechanical representation of propositions and reasonings. *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science*, 10, 1–18.

**SAĞLIK BİLİŞİMİ ALANINDA GÜNCEL KONULAR VE
AKADEMİK DEĞERLENDİRMELER**

yaz
yayınları

YAZ Yayınları
M.İhtisas OSB Mah. 4A Cad. No:3/3
İscehisar / AFYONKARAHİSAR
Tel : (0 531) 880 92 99
yazyayinlari@gmail.com • www.yazyayinlari.com