

**T.C.
İSTANBUL MEDENİYET ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİK VERİ BİLİMİ ANABİLİM DALI**

**ANKİLOZAN SPONDİLİT HASTALIĞININ MOLEKÜLER
MEKANİZMASININ ÇOKLU-OMİK VERİLERİN ENTEGRE
ANALİZİ İLE İNCELENMESİ**

Yüksek Lisans Tezi

KEREM UZALA

NİSAN 2022

**T.C.
İSTANBUL MEDENİYET ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİK VERİ BİLİMİ ANABİLİM DALI**

**ANKİLOZAN SPONDİLİT HASTALIĞININ MOLEKÜLER
MEKANİZMASININ ÇOKLU-OMİK VERİLERİN ENTEGRE
ANALİZİ İLE İNCELENMESİ**

Yüksek Lisans Tezi

KEREM UZALA

**DANIŞMAN
DR. ÖĞR. ÜYESİ MUHAMMED ERKAN KARABEKMEZ**

NİSAN 2022

BİLDİRİM

Hazırladığım tezin tamamen kendi çalışmam olduğunu, akademik ve etik kuralları gözeterek çalıştığımı ve her alıntıya kaynak gösterdiğimi taahhüt ederim.

İmza

Kerem UZALA

Danışmanlığını yaptığım işbu tezin tamamen öğrencinin çalışması olduğunu, akademik ve etik kuralları gözeterek çalıştığını taahhüt ederim.

Dr. Öğr. Üyesi Muhammed Erkan KARABEKMEZ

İMZA SAYFASI

Kerem UZALA tarafından hazırlanan ‘Ankilozan Spondilit Hastalığının Moleküler Mekanizmasının Çoklu-Omik Verilerin Entegre Analizi ile İncelenmesi’ başlıklı bu yüksek lisans tezi, Biyolojik Veri Bilimi Anabilim/bilim Dalında hazırlanmış ve jürimiz tarafından kabul edilmiştir.

JÜRİ ÜYELERİ

İMZA

Tez Danışmanı:

Dr. Öğr. Üyesi Muhammed Erkan KARABEKMEZ

Kurumu: **İstanbul Medeniyet Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Biyomühendislik Bölümü**

Üyeler:

Prof. Dr. Kazım Yalçın ARĞA

Kurumu: **Marmara Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Biyomühendislik Bölümü**

Dr. Öğr. Üyesi Saliha Ece ACUNER

Kurumu: **İstanbul Medeniyet Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Biyomühendislik Bölümü**

Tez Savunma Tarihi: 18/04/2022

ÖNSÖZ

Öncelikle çalışmalarım sırasında kıymetli bilgi, birikim ve tecrübeleri ile bana yol gösterici ve destek olan, ayrıca akademik ortamda engin fikirleriyle yetişme ve gelişmeme katkıda bulunan, bir hocadan daha fazlası olarak hissettiğim çok değerli danışmanım Dr. Öğr. Üyesi Muhammed Erkan KARABEKMEZ'e,

En zor ve sıkıntılı zamanlarımda dahi yanımda olarak desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen Ahmet Faruk AKHAN, Eda Nur EMİLLİ, Fatih Ebubekir KÖYLÜ, Muhammed Yusuf ÖZDEMİR ve Nusret Fatih AKTAŞ'a,

Bu tezin kaynağını aldığı Türkiye Sağlık Enstitüleri Başkanlığı (TÜSEB) tarafından 4059 proje numarası ile desteklenen projede beraber çalıştığım Fevziye Nuran ÖZCAN'a,

Her zaman güzel bir aileye sahip olduğum için ne kadar şanslı olduğumu hissettiren, hayatım boyunca attığım her adımda ve bu günlere gelmemde maddi ve manevi desteğini esirgemeyen aileme,

Çok teşekkür ederim.

Kerem UZALA

İstanbul, Nisan 2022

ÖZET

ANKİLOZAN SPONDİLİT HASTALIĞININ MOLEKÜLER MEKANİZMASININ ÇOKLU-OMİK VERİLERİN ENTEGRE ANALİZİ İLE İNCELENMESİ

Uzala, Kerem

Yüksek Lisans Tezi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Biyolojik Veri Bilimi Anabilim
Dalı

Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Muhammed Erkan KARABEKMEZ

Nisan, 2022. 170 Sayfa.

Ankilozan spondilit (AS), aksiyal spondiloartropatiler grubundan; kronik, otoimmün bir inflamatuvar artritir. AS, birincil olarak omurga ve kuyruk sokumu eklemlerini tutarak sırt ağrısı, hareket kısıtlılığı ve omurga kaynaşmasına neden olmakla birlikte, vücuttaki diğer eklemleri ve göz, bağırsak ve deri gibi organları da etkilemektedir. Dünyada AS görülme sıklığı yaklaşık %1'dir. HLA-B27 geni, AS oluşumunun %80-90'ından sorumlu olmakla beraber, HLA-B27 genine sahip insanların sadece %5'i AS geliştirmektedir. Ayrıca, HLA-B27 geninin AS oluşumu nasıl başlattığı da bilinmemektedir. Bu çalışma, AS hastalığının moleküler mekanizmasının daha iyi anlaşılabilmesi ile teşhis ve tedaviye yönelik yeni biyobelirteçlerin bulunabilmesi amacıyla gerçekleştirilmiştir. Bu bağlamda, çeşitli seviyelerdeki -omik verilerin entegre analizi gerçekleştirilmiştir. Transkriptomik çalışmalar kapsamında üç ayrı veri seti üzerinde diferansiyel gen ekspresyonu (DEG) ve ağırlıklandırılmış gen birlikte anlatım ağ analizi (WGCNA) gerçekleştirilmiştir. Epigenomik çalışmalar için diferansiyel metile gen (DMG) tespiti yapılmıştır. Regülomik çalışmalar kapsamında diferansiyel metile gen promotörlerine bağlanan transkripsiyon faktörleri (TF) ile bunların hedef genleri tespit edilmiştir. En son aşamada ise promotörü diferansiyel metile olmuş genler, bu genleri kontrol eden TF'ler ve bu TF'lerin hedefleri kullanılarak bağlama özel bir protein-protein etkileşim ağı (PPI) kurulmuş ve transkriptomik veriler bu ağ üzerine haritalanarak epigenetik ve diğer düzenleyici faktörlerin etkisi altında ekspresyon seviyesi değişen genler tespit edilmiştir. Buna göre tespit edilen genler, AS hastalığının moleküler mekanizmasına daha fazla ışık tutabilecek olup, teşhis ve tedavide yeni biyobelirteçler olarak önerilebilir.

Anahtar Kelimeler: Ankilozan Spondilit, Biyoinformatik, Sistem Biyolojisi, Çoklu-Omik, Veri Entegrasyonu

ABSTRACT

INVESTIGATION OF MOLECULAR MECHANISM OF ANKYLOSING SPONDYLITIS BY MULTI-OMICS DATA INTEGRATION

Uzala, Kerem

Master of Science Thesis, Institute of Graduate Studies, Department of Biological Data Science

Advisor: Asst. Prof. Muhammed Erkan KARABEKMEZ

April, 2022. 170 Pages.

Ankylosing spondylitis (AS) is a member of axial spondyloarthropathies and it is a chronic, autoimmune inflammatory arthritis. AS primarily affects the spine and sacroiliac joint causing back pain, limitation of movement and vertebral joint fusion. It also affects other joints in the body and organs such as eyes, intestine and skin. The prevalence of AS in the world is approximately 1%. Although the HLA-B27 gene is responsible for 80-90% of AS, only 5% of people with the HLA-B27 gene develop AS. Furthermore, how the HLA-B27 gene initiates AS is still unknown. This study was carried out in order to better understand the molecular mechanism of AS and to find new biomarkers for diagnosis and treatment. In this context, integrated analysis of -omic data at various levels has been conducted. Within the scope of transcriptomic studies, differential gene expression (DEG) and weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) were performed on three separate data sets. Differential methylated gene (DMG) detection was performed for epigenomic studies. For regulomic studies, transcription factors (TF) binding to differential methylated gene promoters and their target genes were determined. Lastly, a context-specific protein-protein interaction network (PPI) was established by using differentially methylated genes, the TFs controlling these genes, and the targets of TFs, and transcriptomic data were mapped onto this network to find the genes that are differentially expressed due to control by epigenetic and other regulatory mechanisms. Accordingly, the detected genes may shed more light on the molecular mechanism of AS and may be recommended as new biomarkers in diagnosis and treatment.

Keywords: Ankylosing Spondylitis, Bioinformatics, Systems Biology, Multi-Omics, Data Integration

İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ	iv
ÖZET.....	v
ABSTRACT.....	vi
İÇİNDEKİLER	vii
TABLolar LİSTESİ.....	x
ŞEKİLLER LİSTESİ	xi
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	xii
BÖLÜM I: GİRİŞ	1
1.1 SPONDİLOARTROPATİLER.....	1
1.1.1 Spondiloartropati Türleri	1
1.1.2 Spondiloartropatilerin Oluşumunda Etkili Faktörler	2
1.1.2.1 Genetik faktörler	2
1.1.2.2 Epigenetik faktörler	3
1.1.2.2.1 DNA metilasyonu.....	4
1.1.2.2.2 Histon modifikasyonları.....	5
1.1.2.3 Kodlama yapmayan RNA'lar.....	6
1.1.2.3 Bağırsak mikrobiyomu.....	9
1.2 OTOİMMÜNİTE VE OTOİMMÜN HASTALIKLAR	10
1.3 ANKİLOZAN SPONDİLİT	12
1.3.1 Klinik Tablo ve Epidemiyoloji	12
1.3.2 Patogenez ve Moleküler Mekanizma.....	13
1.3.2.1 AS moleküler mekanizması ile ilgili teoriler	15
1.3.2.1.1 Artirojenik peptid hipotezi	16
1.3.2.1.2 HLA-B27'nin yanlış katlanması hipotezi	17
1.3.2.1.3 HLA-B27 homodimeri hipotezi	18
1.4 AS'TE ÇOKLU-OMİK YAKLAŞIMLAR VE ÇALIŞMA BAĞLAMı	18
BÖLÜM II: YÖNTEM	21
2.1 LİTERATÜR TARAMASI VE VERİ SETİ SEÇİMİ.....	21

2.2 TRANSKRİPTOMİK ÇALIŞMALAR	23
2.2.1 RNA-Seq Veri Analizi ve DGE Tayini	23
2.2.1.1 Verinin edinilmesi.....	24
2.2.1.2 Kalite kontrol	25
2.2.1.3 Ön işleme (Kırpma/Temizleme)	26
2.2.1.4 Genoma hizalama.....	27
2.2.1.5 Transkript birleştirme ve ekspresyon kantifikasyonu	27
2.2.1.6 DGE analizi.....	29
2.2.2 Mikroarray Verisinden DGE Tayini	31
2.2.3 Ağırlıklandırılmış Gen Birlikte Anlatım Ağ Analizi (WGCNA)	33
2.2.3.1 Veri girişi ve ön işleme	33
2.2.3.2 Ağ kurulumu ve modül tayini	34
2.2.3.3 Görselleştirme	35
2.2.4 Fonksiyonel Zenginleşim Analizi	36
2.3 EPİGENOMİK ÇALIŞMALAR.....	37
2.3.1 Metilasyon Analizi ve DMG Tespiti	37
2.4 REGÜLOMİK-İTERAKTOMİK ÇALIŞMALAR	38
2.4.1 Regülomik Çalışmalar	38
2.4.2 İteraktomik Çalışmalar	41
2.5 VERİLERİN GÖRSELLEŞTİRİLMESİ VE ENTEGRASYONU	41
2.5.1 Verilerin Görselleştirilmesi.....	41
2.5.2 Verilerin Entegrasyonu	42
BÖLÜM III: BULGULAR	44
3.1 TRANSKRİPTOMİK ÇALIŞMALARIN SONUÇLARI.....	44
3.1.1 RNA-Seq Veri Analizi Sonuçları	44
3.1.2 Mikroarray Verileri Analiz Sonuçları.....	44
3.1.3 WGCNA Analiz Sonuçları	44
3.2 EPİGENOMİK ÇALIŞMALARIN SONUÇLARI	53
3.2.1 Metilasyon Analizi ve DMG Tespiti Sonuçları	53
3.3 İTERAKTOMİK-REGÜLOMİK ÇALIŞMALARIN SONUÇLARI ..	53
3.3.1 Regülomik Analiz Sonuçları.....	53
3.3.2 İteraktomik Çalışmaların Sonuçları	54
3.4 VERİ ENTEGRASYONU ÇALIŞMALARININ SONUÇLARI	55
BÖLÜM IV: SONUÇ VE TARTIŞMA.....	58
KAYNAKÇA.....	63

Ek-1: WGCNA Modülleri Gen Listesi.....	75
Ek-2: WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları.....	130
Özgeçmiş.....	170



TABLÖLAR LİSTESİ

Tablo 1.	SpA Türleri ve Açıklamaları ile HLA-B27 Frekansları.....	2
Tablo 2.	AS Hastalarında DNA Metilasyon Çalışmaları	4
Tablo 3.	SpA Hastalarında miRNA Çalışmaları	8
Tablo 4.	Otoimmünitede Endojen ve Ekzojen Faktörler.....	11
Tablo 5.	Sistemik Otoimmün Hastalıklar.....	12
Tablo 6.	Organ Spesifik Otoimmün Hastalıklar.....	12
Tablo 7.	Literatür Listesi	21
Tablo 8.	Phred Skorları ve Anlamları.....	26
Tablo 9.	WGCNA Sonuçları	48
Tablo 10.	WGCNA Modül Gen Sayılarının Veri Setlerine Göre Dağılımı	49
Tablo 11.	GSE25101 WGCNA Sonuçlarının GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları	51
Tablo 12.	GSE73754 WGCNA Sonuçlarının GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları	52
Tablo 13.	GSE141646 WGCNA Sonuçlarının GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları.....	52
Tablo 14.	DMP'lerin Ait Oldukları Genlere Göre Dağılımı	53
Tablo 15.	TF'lerin Dağılımları	54
Tablo 16.	AS-BEA Modülleri	56
Tablo 17.	AS-BEA Üzerine GSE25101 Haritalanması Sonrası GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları.....	56
Tablo 18.	AS-BEA Üzerine GSE73754 Haritalanması Sonrası GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları.....	57

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 1.	ncRNA'ların Gen Anlatımını Düzenleme Mekanizmaları	7
Şekil 2.	HLA Lokusunun Şematik Gösterimi	14
Şekil 3.	HLA Tip I Moleküllerinin Yapısı	15
Şekil 4.	AS Oluşumuna Dair Hipotezler	16
Şekil 5.	RNA-Seq Veri Analizi İş Akış Şeması	24
Şekil 6.	Örnek FASTQ Dosyası İçeriği.....	25
Şekil 7.	featureCounts Sayım Yöntemi	28
Şekil 8.	DESeq2 Arayüzü.....	30
Şekil 9.	TRRUST Arayüzü.....	40
Şekil 10.	jActiveModules Arayüzü	43
Şekil 11.	GSE25101 Örneklerinin Kümelenmesi.....	45
Şekil 12.	GSE73754 Örneklerinin Kümelenmesi.....	45
Şekil 13.	GSE141646 Örneklerinin Kümelenmesi.....	46
Şekil 14.	GSE25101 için Ölçekten Bağımsızlık ve Ortalama Bağlantı Grafikleri	47
Şekil 15.	GSE73754 için Ölçekten Bağımsızlık ve Ortalama Bağlantı Grafikleri	47
Şekil 16.	GSE141646 için Ölçekten Bağımsızlık ve Ortalama Bağlantı Grafikleri	48
Şekil 17.	GSE25101 Modül Kümeleri ve Isı Haritası	49
Şekil 18.	GSE73754 Modül Kümeleri ve Isı Haritası	50
Şekil 19.	GSE141646 Modül Kümeleri ve Isı Haritası	50
Şekil 20.	AS Bağlama Özel Biyolojik Etkileşim Ağı (AS-BEA)	55

SİMGELER VE KISALTMALAR

α	Alfa
β	Beta
$\Delta\beta$	β Değeri Değişimi (Delta Beta)
ACPA	Anti-Citrullinated Protein Antibody (Anti-sitrüline Protein Antikoru)
APC	Antigen Presenting Cells (Antijen Sunan Hücreler)
AS	Ankilozan Spondilit
AS-BEA	AS'in Bağlama Özel Biyolojik Etkileşim Ağı
ATP	Adenozin Trifosfat
axSpA	Aksiyal Spondiloartrit
CD	Crohn's Disease (Crohn Hastalığı)
CD4+ T	Yardımcı T Hücresi
CD8+ T	Sitotoksik T Hücresi
circRNA	Circular RNA (Halkasal RNA)
CNV	Copy Number Variation (Kopya Sayısı Değişimi)
CpG	5'-3' Sitozin-Guanin Dinükleotidi
CRP	C-Reaktif Protein
DGE	Diferansiyel Gen Ekspresyonu
DMG	Diferansiyel Metile Gen(ler)
DMP	Diferansiyel Metile Promotör(ler)
DNA	Deoksiribonükleik Asit
EA/IBD	Enteroartrit/Inflammatory Bowel Disease (İnflamatuvar Bağırsak Hastalığı)
ER	Endoplazmik Retikulum
ESR	Eritrosit Sedimentasyon Hızı
FHC	Free Heavy Chain (Serbest Ağır Zincir)
GO	Gen Ontolojisi
GSEA	Gene Set Enrichment Analysis (Gen Seti Zenginleştirme Analizi)
GWAS	Genome-Wide Association Studies (Genom Çaplı İlişkilendirme Çalışmaları)
H3K27ac	H3 Histonunun 27. Lizin Bakiyesinin Asetilasyonu
H3K4me1	H3 Histonunun 4. Lizin Bakiyesinin Mono-metilasyonu
HGNC	HUGO Gene Nomenclature Committee (İnsan Genom Organizasyonu Gen Adlandırma Komitesi)
HLA	Human Leukocyte Antigen (insan lökosit antijeni)
IL-n	İnterlökin n (n: sayı)
ILnR	İnterlökin n Reseptörü Geni (n: sayı)
JSpA/ERA	Jüvenil Spondiloartrit/Entezit ile İlişkili Artrit

KEGG	Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (Kyoto Gen ve Genom Ansiklopedisi)
lncRNA	Long Non-Coding RNA (Uzun Kodlama Yapmayan RNA)
MHC	Major Histocompatibility Complex (Büyük Doku Uyumu Kompleksi)
miRNA	Mikro RNA
mRNA	Messenger RNA (Haberci RNA)
ncRNA	Non-Coding RNA (Kodlama Yapmayan RNA)
NF- κ B	Nükleer Faktör Kapa Beta
NK (hücreler için)	Natural Killer Cells (Doğal Öldürücü Hücreler)
NK (insanlar için)	Normal Kontrol
NKT	Natural Killer T Cells (Doğal Öldürücü T Hücreleri)
Nr-axSpA	Non-Radyografik Aksiyal Spondiloartrit
OA	Osteoartrit
ORA	Over-Representation Analysis (Aşırı Temsil Analizi)
p	P Değeri
p-adj/adj-p	Düzeltilmiş p Değeri
PBMC	Peripheral Blood Mononuclear Cells (Periferik Kan Mononükleer Hücreleri)
PC1	1st Principal Component (Birinci Temel Bileşen)
PCA	Principal Component Analysis (Temel Bileşenler Analizi)
PPI	Protein-Protein Interaction(s) (Protein-Protein Etkileşim(ler)i)
PsA	Psöriatik Artrit
qPCR	Quantitative Polymerase Chain Reaction (Kantitatif Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
RA	Romatoid Artrit
ReA	Reaktif Artrit
RF	Romatoid Faktör
RNA	Ribonükleik Asit
RNA-Seq	RNA Dizileme
SNP	Single Nucleotide Polymorphism (Tek Nükleotid Polimorfizmi)
SpA	Spondiloartropati/Spondiloartrit
SUMO	Small Ubiquitin-like Modifier (Protein) (Küçük Ubikitin Benzeri Modifiye Edici (Protein))
TF	Transkripsiyon Faktörü
Tfh	T Follicular Helper Cell (Foliküler T Yardımcı Hücresi)
Thn	T Helper Cell n (Yardımcı T Hücresi n, n: sayısı)
TNF- α	Tumor Necrosis Factor Alpha (Tümör Nekroz Faktörü Alfa)
Treg	Regülatör T Hücresi
TSS	Transcription Start Site (Transkripsiyon Başlama Bölgesi)
TSSn	Transkripsiyon Başlama Bölgesinin n Baz Üstü/Öncesi (n: sayısı)
UC	Ulcerative Colitis (Ülseratif Kolit)
UPR	Unfolded Protein Response (Yanlış Katlanmış Protein Cevabı)
USpA	Undifferentiated Spondyloarthritis (Farklılaşmamış Spondiloartrit)
5'/3' UTR	5'/3' Untranslated Region (5'/3' Translasyona Uğramayan Bölge)
WGCNA	Weighted Gene Co-Expression Network Analysis (Ağırlıklandırılmış Birlikte Ekspres Gen Ağı Analizi)

BÖLÜM I: GİRİŞ

1.1 SPONDİLOARTROPATİLER

1.1.1 Spondiloartropati Türleri

Romatizmal hastalıklar; eklemler, deri, bağırsak, akciğer ve böbrek gibi birden fazla organı etkileyerek hastaların hareket kaybına veya günlük yaşam kalitelerinin düşmesine neden olan sistemik otoimmün hastalıklardır. Her bir romatizmal hastalık klinik semptomlara ve otoantikör veya insan lökosit antijeni (human leukocyte antigen, HLA) tipine göre sınıflandırılır. Örneğin, romatoid artrit (RA), anti-sitrüline protein antikörü (ACPA) varlığında kronik poliartrit ile karakterize iken ankilozan spondilit (AS) hastalarında, iltihabi bir sırt ağrısı ile kuyruk sokumu iltihabı (sakroilit) ve HLA-B27 pozitifliği görülür. Günümüzde bu hastalıkların oluşumunda genetik ve çevresel faktörlerin birlikte rol oynadığı anlaşılmıştır (Kato, Yasuda ve Atsumi, 2018).

Spondiloartropatiler veya diğer adıyla spondiloartritler (SpA) ise; inflamatuvar sırt ağrısı, asimetrik periferik artrit, entezit, daktilit, tenosinovit ve lokomotor sistem dışı belirtiler gibi karakteristik klinik özellikleri paylaşan ve belirli tipte genetik yatkınlık (HLA-B27) taşıyan kronik inflamatuvar romatizmal bozukluklardan oluşan heterojen bir hastalık grubudur (Duba ve Mathew, 2018). Romatoid Faktör (RF) negatif olan spondiloartropatlere seronegatif spondiloartropatiler denir ve eski sınıflandırmaya göre birbirinden bağımsız fakat ilişkili beş hastalıktan oluşur. Bunlar; ankilozan spondilit (AS), psoriatik artrit (PsA), reaktif artrit (ReA), enteropatik artrit (EnA) ve farklılaşmamış spondiloartritlerdir (Moll, Haslock, Macrae ve Wright, 1974). Günümüz toplumlarında SpA görülme sıklığı %0,2-1,6 olup, AS en sık görülen çeşididir (Duba ve Mathew, 2018).

Yeni sınıflandırma kriterlerine göre SpA türleri (Raychaudhuri ve Deodhar, 2014), bu hastalıklarda HLA-B27 pozitifliği görülme frekansı ve diğer açıklamalar Tablo 1’de verilmiştir.

Tablo 1. SpA Türleri ve Açıklamaları ile HLA-B27 Frekansları

Hastalık	HLA-B27 Frekansı	Açıklama
Ankilozan Spondilit (AS)	%75-90	Tipik SpA formudur. Çoğunlukla sakroiliak eklemin radyografi görüntüleri ile teşhis edilir.
Non-Radyografik Spondiloartrit (Nr-SpA)	%75-90	Bu tür, önceden Farklılaşmamış SpA olarak adlandırılmaktaydı.
Reaktif Artrit (ReA)	%30-60	HLA-B27 ile ReA kronikliği arasında ilişki olduğunu belirten çalışmalar vardır.
Psoriatik Artrit (PsA)	%20-50	HLA-B27 pozitif psoriatik artrit hastalarında; entezit, daktilit ve simetrik sakroilit görülme oranı daha yüksektir.
Enteropati/İnflamatuvar Bağırsak Hastalığı (EA/IBD)	%10-40	HLA-B27 pozitifliği, IBD hastalarında, semptomların görülme ihtimalini artırmaktadır.
Jüvenil Spondiloartrit/Entezit ile İlişkili Artrit (JSpA/ERA)	%50-80	SpA'nın jüvenil formudur. Hastaların başlangıçta baskın oligoartritleri vardır ve bunların bir kısmı erken erişkinlik döneminde aksiyal semptomlar geliştirirler.
Farklılaşmamış Periferik Spondiloartrit (USpA)	%25-70	Günümüzde bu sınıflandırma, yalnızca, belirgin IBD özellikleri göstermeyen EA hastalarını veya psoriatik deri lezyonları başlamamış PsA hastalarını tanımlamada kullanılmaktadır.

1.1.2 Spondiloartropatilerin Oluşumunda Etkili Faktörler

1.1.2.1 Genetik faktörler

SpA oluşumunda en önemli genetik risk faktörü HLA-B27 alelidir. Bu alel, AS hastası tek yumurta ikizlerinde %75 oranında ortakken çift yumurta ikizlerinde %12 ortaklık oranına sahiptir. Ayrıca AS hastalarının birinci derece yakınlarının, AS hastası olma ihtimallerinin %10 ila %30 arasında arttığı gösterilmiştir (Brown ve diğerleri, 1997). HLA-B27 pozitif SpA hastaları, omurga defekti görülmesi açısından daha büyük risk altındadır. Ayrıca bu kişilerde klinik semptomlar daha erken yaşlarda ortaya çıkmaktadır (Rudwaleit ve diğerleri, 2009). HLA-B27 allotip ailesi,

25 farklı alelden ve bu alellerin kodladığı 23 farklı proteinden oluşmaktadır (Ball ve Khan, 2001). Bu alt gruplardan bazıları hastalık oluşumunda etkin rol oynarken bazıları ise hastalıktan koruma yönünde etki göstermektedir. Örneğin; HLA-B27:02 (Akdeniz tipi), HLA-B27:04 (Çin tipi) ve HLA-B27:05 (Kafkas tipi) hastalık oluşumu yönünde etki ederken HLA-B27:06 ve HLA-B27:09 haplotipleri hastalıktan korumaktadır (Bowness, 2015).

AS, PsA ve IBD, HLA Tip I molekülleri ile ilişkilidirler ve genelde benzer klinik ve immuno patojenik özellik gösterirler. Örneğin, PsA'nın; HLA-B08, HLA-B27 ve HLA-B38 ile ilişkili olduğu bilinmektedir. Ayrıca HLA-C06 psoriasis spesifik bir moleküldür. Bunun yanında, büyük doku uyumu kompleksi (major histocompatibility complex, MHC) lokusu dışında diğer lokuslarla ilişkili genetik temeli olduğu da yapılan genom çaplı ilişkilendirme çalışmaları (genome-wide association studies, GWAS) ile gösterilmiştir (Díaz-Peña, Castro-Santos, Durán, Santiago ve Lucia, 2020; Winchester ve diğerleri, 2012). IBD ile HLA lokusu ilişkisi zayıf olmasına rağmen tek yumurta ikizleri ile yapılan çalışmalarda ikizler arasında; Crohn hastalığında (CD) %50-75, ülseratif kolitte (UC) %10-20 oranında aynılık tespit edilmiştir. Bu da bize IBD kalıtımının farklı oranlarda gerçekleştiğini ve önem derecesinin değiştiğini göstermektedir. Buna rağmen IBD'ye olan genetik yatkınlık 200'den fazla ilişkili lokusun bulunması nedeniyle genel kabul görmüş bir durumdur (Annese, 2020).

1.1.2.2 Epigenetik faktörler

Epigenetik, DNA baz diziliminde değişikliğe neden olmadan gen anlatımını değiştiren durumlardır. Epigenetik mekanizmalar çevreden etkilenebilirler ve bu sayede genetik ve çevre koşulları arasında köprü olurlar. Bu mekanizmalara; DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kodlama yapmayan RNA'lar örnek verilebilir. Bu mekanizmalar geri dönüşümlüdür ve ayrıca kalıtsaldır yani jenerasyonlar arasında aktarılır. Epigenetik modifikasyonlar gen aktivasyon süreçlerinin anahtar düzenleyicileridir. Bu nedenle bunlarda görülen bir bozukluk gen anlatımında düzensizliğe ve hastalıkların ve patolojik durumların ortaya çıkmasına neden olur (Cherqaoui ve diğerleri, 2020) .

Epigenetik mekanizmaların SpA oluşumundaki rolüne dair literatürde pek az çalışma vardır ve bunların geneli kodlama yapmayan RNA'lar üzerinedir. Bu çalışmalardan 7 tanesi DNA metilasyonu üzerine iken bundan daha az sayıda histon modifikasyonlarını inceleyen çalışma bulunmaktadır.

1.1.2.2.1 DNA metilasyonu

DNA metilasyonunun SpA oluşumuna etkilerini inceleyen çalışmaların hepsi AS hastaları ile yapılmıştır. Tablo 2’de bu çalışmalar ve sonuçları verilmiştir.

Tablo 2. AS Hastalarında DNA Metilasyon Çalışmaları

Çalışma	Bölge	Populasyon	Sonuç
(Hao ve diğerleri, 2017)	Çin	5 AS-5 NK	1915 DMG HLA-DQB1 geninde anlamlı metilasyon değişimi
(Coit ve diğerleri 2019)	Avrupa	12 HLA-B27 ⁺ AS – 12 HLA-B27 ⁻ AS – 12 OA	AS-OA arasında 67 DMG, HLA-B27 farkı açısından 159 DMG
(Lai ve diğerleri, 2014)	Tayvan	43 HLA-B27 ⁺ AS – 6 HLA-B27 ⁺ NK	AS-NK arasında SOCS1 geninde hipermetilasyon
(Aslani ve diğerleri, 2016)	İran	40 AS – 40 NK	DNMT1 geni promotöründe hipermetilasyon ve düşük ekspresyon
(Karami ve diğerleri, 2017)	İran	50 AS – 50 NK	BCL11B geni promotöründe hipermetilasyon ve düşük ekspresyon
(Chen ve diğerleri, 2019)	Çin	99 AS – 99 NK	IRF8 geni promotöründe hipermetilasyon ve düşük ekspresyon
(Zhang ve diğerleri, 2019)	Çin	99 AS – 99 NK	IL21B geninde bulunan iki CpG adasında hipermetilasyon ve düşük ekspresyon

Tablo 1’de verilen çalışmalardan sadece ilk ikisi genom çapında yapılmıştır. Bunlardan Hao ve diğerleri (2017)’nin yaptıkları çalışma sonucunda 1915 farklı metilasyon değişikliğine uğrayan bölge tespit edilmiştir. Bu bölgelerden en önemlisi HLA-DQB1 geninde yer almaktadır. Bu genin HLA-B ile yüksek düzeyde bağlantı eşitsizliği ilişkisi olduğu bilinmektedir (Cherqaoui ve diğerleri, 2020). Bu nedenle bu gendeki DNA metilasyonunun hastalıkla mı ilişkili olduğu yoksa HLA-B27 ile olan

ilişkisi kaynaklı mı olduğu henüz anlaşılamamıştır. Daha sonra Coit ve diğerleri (2019) tarafından yapılan çalışmada; AS hastaları HLA-B27 pozitif ve negatif olarak iki gruba ayrılmış, sağlıklı kişileri temsilen ise osteoartrit hastaları kullanılmıştır. Bu çalışmadaki metilasyon değişikliğine uğrayan bölge sayısı ise ilginç bir şekilde HLA-B27 pozitif ve negatif gruplar arasında 159, AS ve OA/sağlıklı grup arasında ise 67 olarak tespit edilmiştir.

1.1.2.2.2 Histon modifikasyonları

Ökaryotik hücrelerde DNA, nükleus içinde birtakım proteinlerle etkileşim halinde ve paketlenmiş/katlanmış halde bulunur. En temel kromatin yapısı olan nükleozom, histon çekirdeği olarak adlandırılan ve bir adet H2A-H2B tetrameri ile iki adet H3-H4 dimerinden oluşan proteinlerin etrafına sarılmış 146-147 baz çiftlik DNA içeren bir nükleoprotein yapısıdır. Bu histon proteinlerinin N- ve C-terminal uçları (kuyrukları) post-translasyonel modifikasyonlara uğrayabilir ve bu sayede elektriksel yük yapısı değişen kromatinde açılma veya kapanma şeklinde bir değişim görülebilir. Bu heterokromatin-ökromatin geçişleri de sonuç olarak, gen anlatımında değişimlere neden olur. Histon kuyruklarının geçirdikleri bu değişimlere; metilasyon, asetilasyon, fosforilasyon, SUMOlasyon ve ubiquitinasyon örnek olarak verilebilir (Zhang ve diğerleri, 2021).

SpA oluşumunda histon modifikasyonlarının yerine dair literatürde çok az sayıda çalışma vardır ve bunların hiçbiri genom ölçekli olmamakla birlikte hepsi AS hastalarında gerçekleştirilmiştir (Cherqaoui ve diğerleri, 2020). H3K4me1 üzerinde Roberts ve diğerleri (2016)'nin yaptığı çalışma IL23R geninin yakınında bir yükseltici (enhancer) bölgenin varlığını ortaya koymuştur. Bu yükselticinin aktifliğinin Th1 proliferasyonunun artışında, AS riskini artıran rs11209032 kodlu tek nükleotid polimorfizmi (single nukleotide polymorphism, SNP) ile birlikte rol oynadığı düşünülmektedir. AS ile ilişkisi ortaya konmuş rs4648889 kodlu SNP'yi içerisinde barındıran ve H3K27ac ile H3K4me1 zengini bir yükselticiye sahip RUNX3 geninin, AS hastalarında önemli rol oynadığı düşünülmektedir. Riskli SNP'ye sahip AS hastalarının CD8⁺ T hücrelerinde hem H3K4me1 hem de RUNX3 mRNA'sı seviyesinin düştüğü gösterilmiştir. RUNX3 geninin CD8⁺ T hücrelerinin gelişimini indüklediği bilinmektedir. Dolayısıyla AS hastalarında CD8⁺ T hücre

miktarının düşük olmasının sebebi, bu SNP ve düşen histon modifikasyonu varlığı nedeniyle düşük RUNX3 ekspresyonu şeklinde açıklanabilir (Cortes ve diğerleri, 2013; Vecellio ve diğerleri, 2016) Bu çalışmaların büyük kohortlarla yapılmamış olmasına rağmen tüm bu bulgular, SpA oluşumunda, kromatin yeniden düzenleme mekanizmalarının güçlü bir etkiye sahip olduğunu ortaya koymaktadır.

1.1.2.2.3 Kodlama yapmayan RNA'lar

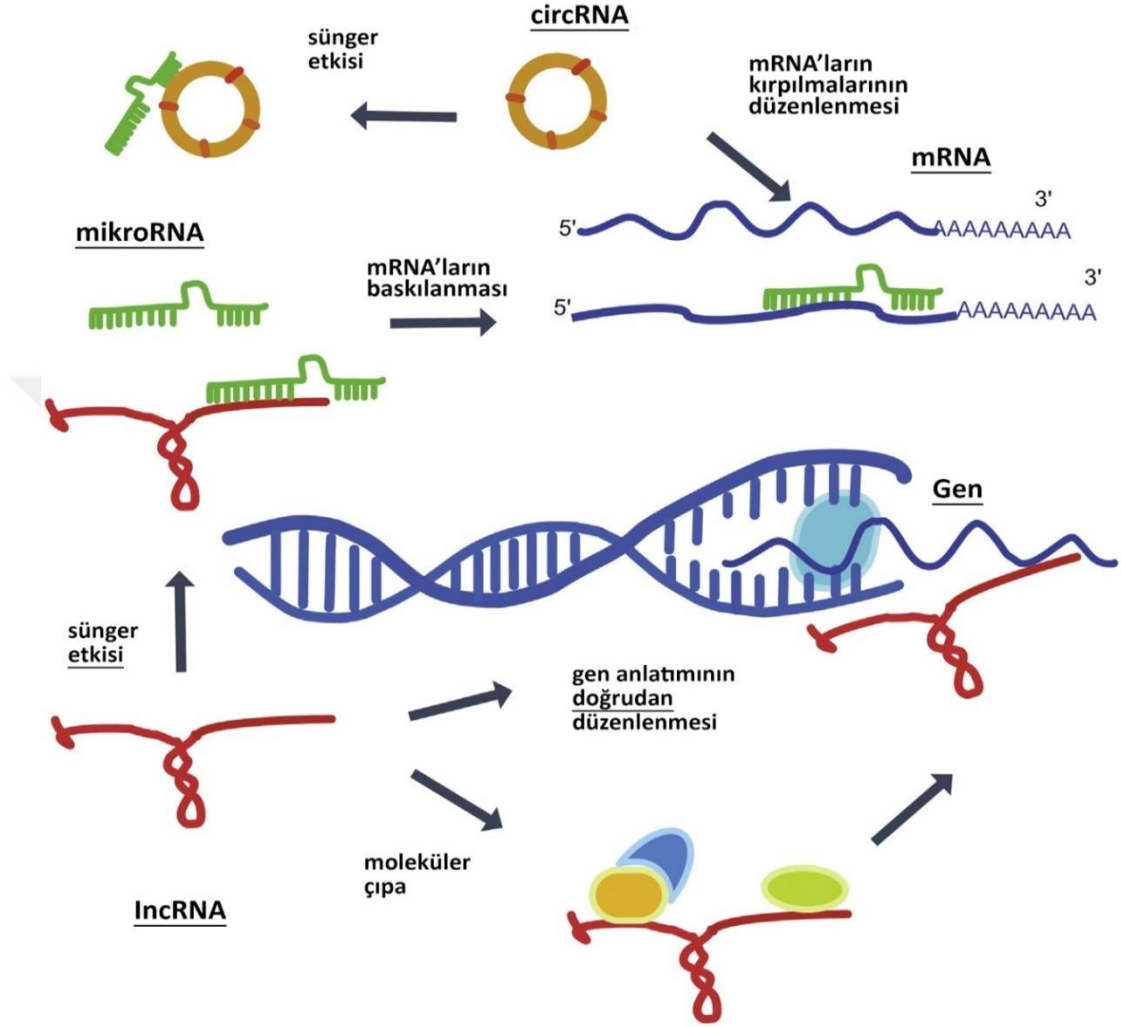
Moleküler biyolojideki son gelişmeler, gen anlatımının sadece proteinler tarafından değil kodlama yapmayan RNA'lar (ncRNA) tarafından da farklı seviyelerde düzenlendiğini ortaya çıkarmıştır. ncRNA'lar arasında bulunan mikro RNA'ların (miRNA), uzun kodlama yapmayan RNA'ların (lncRNA) ve halkasal RNA'ların (circRNA) transkripsiyonel düzenlemede rol aldıkları bilinmektedir (Panni, Lovering, Porras ve Orchard, 2020).

miRNA'lar, karakteristik olarak, yaklaşık 22 nükleotitten oluşan tek zincirli küçük RNA molekülleridir. Hedef mRNA'ların genelde 3' UTR bölgesine bağlanarak onların translasyonunu engellerler (Ambros, 2004).

lncRNA'lar hayli heterojen yapıda olan RNA grubudur. Bu tür RNA'lar 200 nükleotitten uzun oluşları ile karakterizedir ve translasyona uğramazlar. lncRNA'lara özgü özelliklerin azlığı ve fonksiyonlarının çok çeşitli olması onların tam olarak sınıflandırılabilmesini zorlaştırmaktadır. Ayrıca Xist veya H19 RNA'sı gibi bazı iyi bilinen üyelerinin, kodlama yapabilmelerine imkân sağlayacak şekilde açık okuma çerçeveleri (open reading frame, ORF) bulundurdıkları da tespit edilmiştir (Dinger, Pang, Mercer ve Mattick, 2008).

Varlıkları ve fonksiyonları son zamanlarda tanımlanmaya başlayan tek zincirli halkasal yapıda olan circRNA'lar, çoğunlukla, protein kodlayan genlerdeki ekzonların “ters kırılma” mekanizması ile 3' ve 5' uçlarının bir araya gelerek fosfodiester bağı ile bağlanması sonucu oluşurlar. Görevleri arasında miRNA süngeri olmak, gen anlatımını düzenlemek ve RNA'ya bağlanan proteinler (RNA binding protein, RBP) ile ilişki kurmak bulunmaktadır (Goel ve diğerleri, 2020; Panni ve diğerleri, 2020).

Bu RNA'ların gen anlatımının düzenlenmesinde nasıl rol oynadıkları Şekil 1'de verilmiştir.



Şekil 1. ncRNA'ların Gen Anlatımını Düzenleme Mekanizmaları (Panni ve diğerleri, (2020)'nden uyarlanmıştır)

Şekil 1'den de görüleceği üzere ncRNA'lar gen anlatımının düzenlenmesinde farklı mekanizmalar üzerinden etkili olmaktadır. miRNA'lar direkt olarak olgun mRNA'lara bağlanarak etki gösterirken lncRNA'lar yeni oluşan transkriptlere veya histon modifikatörlerine bağlanarak etki gösterirler. miRNA'ların olgun mRNA'lara tam veya kısmi komplementer olarak bağlanması sonrasında bu mRNA'lar ya degrade olur ya da translasyona girmeleri engellenir. miRNA'lar ve lncRNA'lar da birbirlerinin etkilerini “sünger etkisi” mekanizması ile kontrol ederler.

Bu mekanizmaya göre miRNA'lar ve lncRNA'lar birbirlerinin komplementer dizilerine bağlanarak birbirleri üzerinde negatif düzenleme yaparlar (Sun ve diğerleri, 2020). circRNA'lar ise hem miRNA'lar ile sünger etkisi mekanizması ile ilişki kurarlar hem de mRNA kırılması süreçlerini düzenleyerek post-transkripsiyonel seviyede etki gösterirler.

Literatürde SpA'ların ncRNA'lar ile ilişkisi iki ana başlık etrafında toplanmıştır. İlki bu RNA'ların hastalık patogenezindeki rolü ile ilgili iken ikinci yaklaşım bu RNA'ların hastalıkların teşhis, tedavi ve prognozunda biyobelirteç olarak kullanımı ile ilgilidir (Cherqaoui ve diğerleri, 2020). Bu çalışmalar özellikle AS hastaları ve miRNA'lar üzerine yoğunlaşmış olup en önemlileri Tablo 3'te derlenmiştir.

Tablo 3. SpA Hastalarında miRNA Çalışmaları

Çalışma	miRNA	Bölge	SpA Türü	Populasyon	Örnek Türü	Seviye Değişimi
(Wang, Luo, Wang, Yang ve Cui, 2017).	miR-199a-5p	Çin	AS	41	CD3+ Hücreleri	Negatif
(Qian ve diğerleri, 2016)	miR-155	Çin	AS	80	Serum	Pozitif
(Kook ve diğerleri, 2019)	miR-214	Kore	AS	65	Serum	Pozitif
(Lai ve diğerleri, 2013)	miR-221	Çin	AS	27	CD3+ Hücreleri	Pozitif
(Li ve diğerleri, 2019a)	miR-27a	Çin	Nr-axSpA	26	PBMC	Negatif
(Prajzlerová ve diğerleri, 2017)	miR-221-3p miR-181a-5p miR-146a-5p miR-151a-3p miR-99b-5p miR-133a-3p miR-625-3p miR-885-5p	Çekya	AS	48	Serum	Pozitif
(Perez-Sanchez ve diğerleri, 2018)	miR-146a-5p miR-125a-5p miR-22-3p	İspanya	AS	53	Serum	Pozitif
(Fogel ve diğerleri, 2019)	miR-146a-5p	Fransa	AS	81	CD14+ Hücreleri PBMC	Negatif

Bazı miRNA varyasyonlarının SpA hastalarındaki proinflamatuvar sitokin çerçevesi ile ilişkide olduğu tespit edilmiştir. Örneğin IL-23, AS hastalarının T hücrelerinde

miRNA ekspresyon profilini deęiřtirmekte, özellikle miR-29b-1-5p'nin fazla eksprese edilmesinde rol oynamaktadır (Lai ve dięerleri, 2018). Ayrıca (Perez-Sanchez ve dięerleri, 2018) tarafından yapılan alıřmada, IL-1 gibi sitokinlerin, SpA hastalarında, birok farklı miRNA'nın ekspresyonunu artırdıęı ortaya konmuřtur. AS hastalarında Th17 hcrelerinde miR-10b'nin ekspresyonunun ciddi manada arttıęı gsterilmiřtir. Bu artıřın, TNF- α ve IL-6 tarafından indklendięi ve IL17A'nın retimini inhibe ettięi dřnlmektedir (Chen ve dięerleri, 2017). miRNA'ların post-transkripsiyonel dzenlemede hayli etkili oldukları bilinmesine karřın, miRNA sistemindeki bir bozukluęun SpA oluřumunda rol olup olmadıęına dair gl ve kesin bir kanıt bulunamamıřtır. Ayrıca yapılan GWAS alıřmaları ile bulunan SpA spesifik polimorfizmlerden hibiri miRNA genlerinde deęildir (Ellinghaus ve dięerleri, 2016).

1.1.2.3 Baęırsak mikrobiyomu

İnsan baęırsaęı, tařıdıęı ok eřitli mikrobiyal evre ile, birok saęlık sreci ile iliřkilidir ve hatta bu sreleri deęiřtirebilmektedir. Bu evrenin dengesindeki bozulma disbiyoz ve zellikle inflamatuvar ve otoimmn hastalıklar bařta olmak zere eřitli hastalıkların oluřum ve ilerleme srelerine neden olur. SpA hastalarında; gzlerde akut anterior veit, deride ve tırnaklarda psriyazis ve IBD gibi eklem dıřı rahatsızlıklar da sıklıkla grlmektedir. Ayrıca, gastrointestinal semptomlara sahip olmayan SpA hastalarının yarısında ince baęırsak inflamasyonuna iřaret eden mikroskobik bulgular gzlenmiř ve bu hastalar zamanla Crohn hastalıęı geliřtirmiřlerdir. Mikroskobik baęırsak inflamasyonu varlıęı; hastalıęın erken yařta ortaya ıkması, daha aęır seyrediři ve sakroiliak eklemdeki kemik ilięi deminin derecesi ile doęrudan iliřkilendirilmiřtir. Ayrıca tam tersi bir iliřkinin varlıęı da gzlemlenmektedir. Yani, IBD hastalarında da axSPA hastaları gibi eklem inflamasyonu geliřebilmektedir. Bu nedenle SpA hastalarında grlen eklem inflamasyonları ile baęırsak inflamasyonu arasında henz kesin olarak anlařılamamıř bir iliřki vardır (De Vos, Mielants, Cuvelier, Elewaut ve Veys, 1996; 1996; Dumas, Venken, Rosenbaum ve Elewaut, 2020).

Fees rnekleri ile yapılan alıřmalarda, mikrobiyal eřitlilięin, SpA hastalarında daha dřk olduęu gzlenmiřtir (Brebant ve dięerleri, 2017). Buna karřın, ileum ve

kolon biyopsileri ile yapılan çalışmalarda ise mikrobiyal çeşitliliğin hasta olan bireylerde daha fazla olduğu tespit edilmiştir (Costello ve diğerleri, 2015; Tito ve diğerleri, 2017).

Bağırsaklar ile eklem inflamasyonlarını bağdaştıran çalışmalar yapılmış ve umut verici aday mikroorganizmalar bulunmuş olmasına rağmen; SpA oluşumunu indükleyen genel geçer bir organizma henüz tanımlanamamıştır (Dumas ve diğerleri, 2020). Breban ve diğerleri, (2017) tarafından yapılan çalışmada *Ruminococcus gnavus* türü bakterilerin SpA hastalarına ait feçes örneklerinde arttığı bulunmuştur. Bu tür, IBD hastalık öyküsü olan kişilerde de görülmüştür. Bu bakteri mukolitik aktiviteye sahiptir. Bu aktivite sonrası yapısı bozulan bağırsak epitelinin diğer mikroorganizmalara karşı permeabilitesinin artması nedeniyle, eklemlerde inflamasyona neden olduğu düşünülmektedir. Tito ve diğerleri, (2017) tarafından yapılan bir çalışmada ise, *Dialister* cinsi bakterilerin varlığının AS prognozunu önemli ölçüde etkilediği tespit edilmiştir. Manasson ve diğerleri, (2018) tarafından yapılan bir başka çalışmada da *Dialister* cinsi bakterilerin sakroilit veya üveit görülen ReA hastalarında da artış gösterdiği ortaya konmuştur. Wen ve diğerleri, (2017) tarafından yapılan bir diğer çalışmada ise Actinobacteria sınıfı bakterilerin AS hastalarında artış gösterdiği vurgulanmıştır. Bu sınıftaki bakteriler proteinleri ubiquitinlemek suretiyle proteozomlarda yıkılmalarına neden olurlar. Bu bakterilerin, AS hastalarında, NF- κ B yolağı inhibitörü I κ B'nin ubiquitinlenerek yıkılması sonucu inflamatuvar faktörlerin birikmesine neden oldukları düşünülmektedir.

Sonuç olarak, SpA hastalarında, disbiyoz nedeniyle gelişen intestinal inflamasyonun bağırsağın epitel bariyerini bozduğu değerlendirilmektedir. Bu durumun etkilerinin de; bu bariyeri aşarak eklemlere ulaşan bakterilerin inflamasyona neden olması şeklinde veya disbiyotik mikrobiyota tarafından tetiklenen intestinal T hücreleri ve makrofajların eklemlere hareket ederek buralarda sinovial sıvının inflamasyonuna neden olması şeklinde görüldüğü bildirilmektedir.

1.2 OTOİMMÜNİTE VE OTOİMMÜN HASTALIKLAR

İmmün sistem, bireyin vücuduna giren yabancı molekülleri tanıyarak sistemden elimine etmek ve bu sayede bireyi korumakla görevlidir. İmmün sistemin gelişimi

sırasında, vücudun kendi antijenlerini tanıyarak kendi kendine zarar vermesini önleyecek bir tolerans mekanizması da oluşur. Herhangi bir immün cevap anında oluşan otoreaktif B ve T hücreleri, kandaki dolaşımları sırasında, lenf nodlarında veya timusta apoptoz ile elimine edilirler veya sürekli olarak, regülatör T hücreleri (Treg) tarafından baskılanırlar. Buna rağmen; anormal lenfokin (lenfositlerin üretim salgıladıkları her tür molekül) üretimi, moleküler taklit* veya otoreaktif hücrelerin apoptoza uğramamaları sonucu immün sistem vücudun kendi kendine zarar verebilmekte ve bu duruma otoimmünite denmektedir. Otoimmünite, vücudun kendi antijenlerine karşı olan toleransının bozulması sonucu ortaya çıkan bir durumdur¹ (Perl, 2012).

Otoimmünitenin endojen ve ekzojen kaynakları ile sistemik ve organ spesifik otoimmün hastalıklar Tablo 4, Tablo 5 ve Tablo 6’da verilmiştir.

Tablo 4. Otoimmünitede Endojen ve Ekzojen Faktörler (Perl, 2012)

Kaynak	Ajan	Örnek	Hastalık	Mekanizma
Ekzojen	Virüs	Coxsackie	Diyabet	Moleküler Taklit
	Bakteri	Klebsiella	ReA	Moleküler Taklit
	İlaçlar, Kimyasallar, UV Işık	5-Azasitidin	Lupus	Demetilasyon
Kaynak	Sistem	Gen	Hastalık	Mekanizma
Endojen	MHC Lokusu	MHC Tip II	Tiroidit	Antijen Sunumu
	Kompleman		Lupus	İmmün Kompleks Yıkımı
	Hormon	Östrojen	Lupus	Gen Ekspresyonu
	Sitokin	IL-10	Lupus	B ve T Hücre Disfonksiyonu
	Transkripsiyon Faktörü	NF- κ B	Lupus	T Hücresi Disfonksiyonu
	Transkripsiyon Faktörü	FoxP3	IPEX Sendromu	Treg Bozukluğu
	Apoptoz Disregülasyonu	Fas Mutasyonu	ALPS Sendromu	Defektif Apoptoz
	Apoptoz Disregülasyonu	Kaspaz 10 Mutasyonu	ALPS Sendromu	Defektif Apoptoz

¹ İmmün sistemin gelişimi sırasında, antijen sunan hücreler (APC), T lenfositlerini “eğitmek” ve tolerans mekanizması geliştirmek için vücudun kendi antijenlerini sunarlar. Bunlara dominant epitoplara denir ve APC’lerin hücre yüzeyindeki konsantrasyonları yüksektir. APC yüzeyinde çok düşük konsantrasyonda bulunan epitoplara ise kriptik epitoplara denir. Moleküler taklit, bu kriptik epitopların yaşamın herhangi bir zamanında, APC’ler tarafından tekrar sunulması ve T hücreleri tarafından tanınamaması durumu olup özellikle mikrobiyal proteinlerle yüksek düzeyde yapısal benzerlik gösteren vücut antijenleri bu duruma neden olmaktadır (Blank, Barzilai ve Shoenfeld, 2007; Lanzavecchia, 1995).

Tablo 5. Sistemik Otoimmün Hastalıklar (Perl, 2012)

Hastalık	Etkilenen Organ ve Sistemler
Sistemik Lupus Eritematozus (SLE)	Tüm Vücut
RA	Eklemler, Damarlar, Seroz Membranlar, Akciğer
AS	Eklemler, Üvea, Aort
PsA	Deri, Eklemler
IBD	Bağırsaklar, Üvea, Eklemler
Skleroderma	Deri, Damarlar, Bağırsaklar, Akciğer, Kalp, Böbrekler
Sjögren Sendromu	Tükürük ve Göz Yaşı Bezleri, Pankreas, Akciğer, Böbrekler
Dermatomiyozit	Deri, Kaslar, Damarlar
Granümatöz Polianjitis	Böbrek Damarları, Deri, Akciğer
Goodpasture Sendromu	Böbrekler, Akciğer
Poliarteritis Nodoza	Akciğer Harici Tüm Dokularda Damar Enflamasyonu

Tablo 6. Organ Spesifik Otoimmün Hastalıklar (Perl, 2012)

Hastalık	Etkilenen Organ
Tip I Diyabet	Pankreas
Multipl Skleroz (MS)	Merkezi Sinir Sistemi
Myastenia Gravis	Periferal Sinir Sistemi
Tiroidit	Tiroid Bezi
Üveit	Üvea (Göz)
Pernisiyöz Anemi	Mide
Pemfigus	Deri
Vitiligo	Deri
Miyokardit	Kalp
Otoimmün Hemolitik Anemi	Eritrositler
Otoimmün Trombositopeni	Plateletler
Otoimmün İşitme Kaybı	İç Kulak
Primer Biliyer Siroz	Karaciğer
Otoimmün Hepatit	Karaciğer

1.3 ANKİLOZAN SPONDİLİT

1.3.1 Klinik Tablo ve Epidemiyoloji

Ankilozan Spondilit (AS), SpA'lar arasında en yaygın görülen hastalıktır. Bir tür kronik otoimmün artrit olan AS, çoğunlukla omurga ve kuyruk sokumu (sakroiliak) eklemlerini etkilemekte; etkilediği dokularda büyük oranda kemikleşmeye neden

olmaktadır (Nancy, Yan, Hui, Paul ve Liye 2021). AS'in en belirgin özelliği; kasların, tendonların veya ligamentlerin kemiğe bağlandıkları yer olan entezis bölgelerinde meydana gelen kemikleşmedir (Dakwar, Reddy, Vale ve Uribe, 2008). Klinik tabloyu oluşturan en önemli bulgular sürekli ve ilerleyen tipte sırt ağrısı ve omurganın sertleşmesidir. Patolojik kemik oluşumu, vertebral omurların ve sakroiliak eklemin giderek ankiloze (kemiklerin birbirine kayn aması durumu) olmasına neden olarak ilerleyen aşamalarda eklemlerin görevlerini yapamaz hale gelmesine ve bireylerin hareketsiz kalmalarına sebep olur. Diğer bir deyişle, AS'de hem patolojik kemik dejenerasyonu hem de anormal kemik oluşumu gözlenir. Kalça ve omuzlarda görülen oligoartrit, entezit, IBD ve anterior üveit bu tabloya sıklıkla eşlik ederken; kalp ve akciğer tutulumuna daha az rastlanmaktadır (Dakwar ve diğerleri, 2008; O'Rielly, Uddin ve Rahman, 2016).

AS'in genel popülasyonda görülme sıklığı 10.000'de 9-30'dur ve bu oran bölgeye, risk gruplarına ve değerlendirme metotlarına göre değişmektedir. AS prevelansı, güneydoğu Asya toplumlarında 10.000'de 20, sahra altı Afrika'da 10.000'de 2 ve Kuzey Arktik toplumlarında 10.000'de 35 olarak bildirilmiştir (Stolwijk et al., 2016; Wang ve Ward, 2018). Cinsiyetin AS oluşumunda, klinik tablonun gidişatında ve tedaviden alınan cevaplarda farklılık oluşturduğu bilinmektedir. Erkeklerde AS görülme sıklığının kadınlardan 3 kat fazla olduğu bildirilmiştir. Buna karşın, kadınlarda radyografik ilerleyişin ve laboratuvar bulgularının (CRP ve ESR seviyeleri) daha az olduğu görülmektedir; gerek semptomların hastanın günlük yaşantısını etkileme seviyesi açısından gerekse de tedaviye verdikleri düşük cevaplar açısından erkeklerden ayrıştığı görülmüştür. Özellikle CRP seviyesi farkı, AS immünopatolojisinde cinsiyetin önemli olduğunu kanıtlamaktadır (Grace ve diğerleri, 2016).

1.3.2 Patogenez ve Moleküler Mekanizma

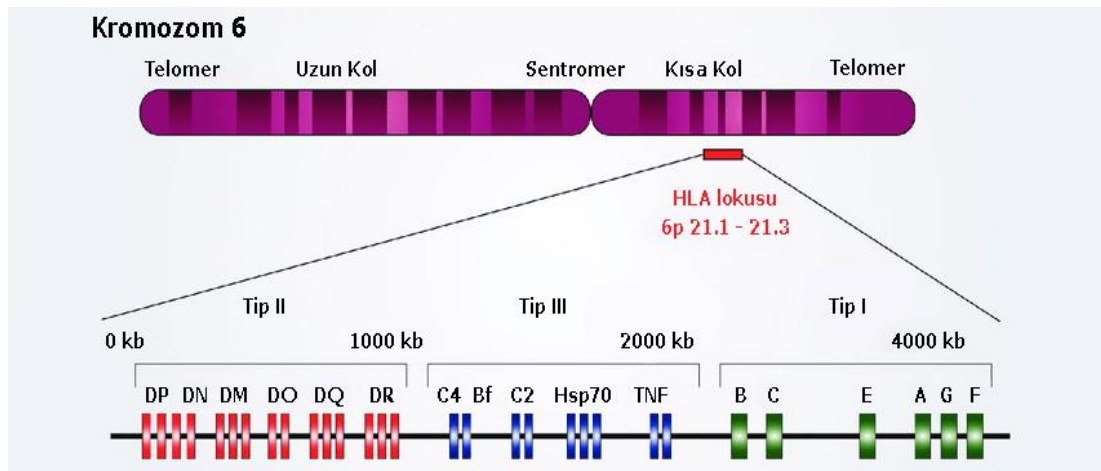
AS patogenezini ve moleküler mekanizmasını daha anlayabilmek için bazı immünolojik konseptlerin bilinmesi gerekir.

HLA-B27, vücutta antijen bağlayıp onları T hücrelerine sunmakla görevli bir protein ailesi olan MHC üyesidir (Bowness, 2015). MHC molekülleri immünolojik işlevsellik açısından iki ana grupta toplanır. Esasında bu gruplar dışında bulunan

MHC molekülleri de vardır fakat immünolojik bir aktiviteyi yoktur. MHC Tip I molekülleri tüm çekirdekli hücrelerde ve plateletlerde bulunurken; MHC Tip II molekülleri B hücreleri, makrofajlar, dendritik hücreler, APC'ler ve bazı T hücrelerinde bulunur (Male, 2021). Antijenler, Tip I MHC molekülleri tarafından CD8+ T hücrelerine (sitotoksik T hücreleri, CTL), Tip II MHC molekülleri tarafından ise CD4+ T hücrelerine (yardımcı T hücreleri, Th) sunulurlar (Abbas, Lichtman ve Pillai, 2021).

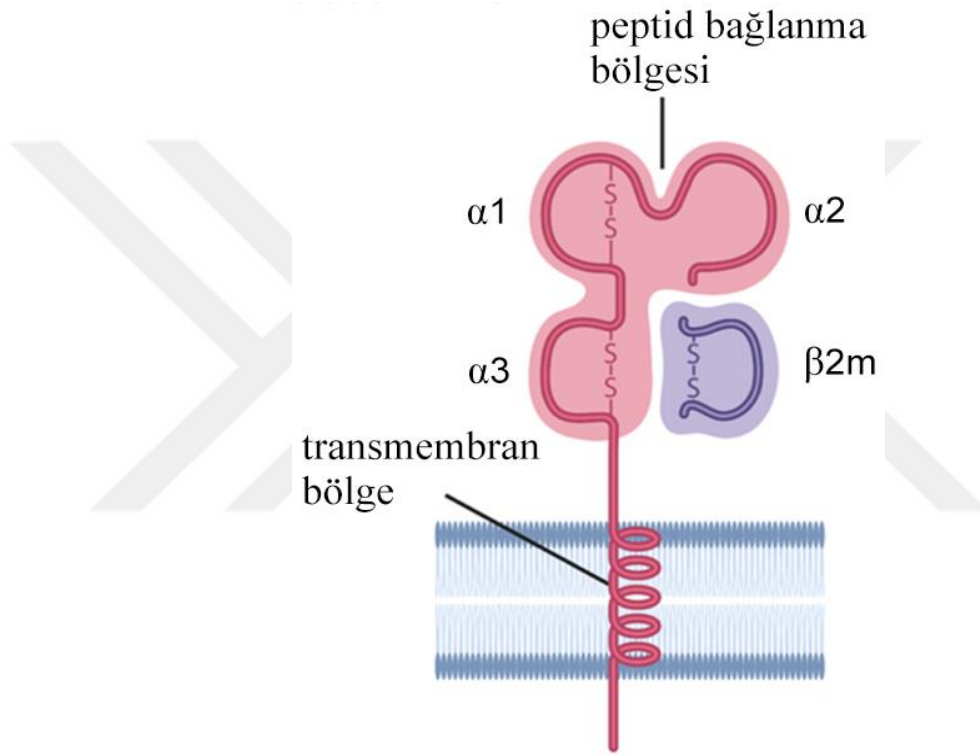
İnsanda bulunan MHC moleküllerine insan lökosit antijenleri (Human Leukocyte Antigen, HLA) denir. Bu isimlendirmenin nedeni, bu moleküllerin insanda ilk olarak lökositlerde bulunmuş olmasıdır. HLA kompleksi genleri 220'den fazla genomik lokusa sahiptir ve bunların 21'i immünolojik işleve sahiptir. Tip I ve Tip II MHC genleri tüm memeli genomlarında en fazla polimorfizm barındıran genlerdir. Halihazırda, HLA Tip I genleri için 6.000, Tip 2 genleri için 1.500 farklı varyant tespit edilmiştir. Ayrıca bu sayılara kopya sayısı değişimleri (copy number variation, CNV) dahil değildir (Male, 2021). Bu derece yüksek polimorfiklik, memeli popülasyonlarını, geçmiş ve gelecek tüm patojenlere karşı karşı koruma avantajı sağlamaktadır (Abbas ve diğerleri, 2021).

HLA lokusu insanda altıncı kromozomun kısa kolunda yer alır ve yaklaşık olarak 4.000 kb uzunluğundadır (Male, 2021). Bu lokusun ve üzerinde bulunan genlerin şematik gösterimi Şekil 2'de verilmiştir.



Şekil 2. HLA Lokusunun Şematik Gösterimi (Zakharova ve diğerleri, (2019)'dan uyarlanmıştır)

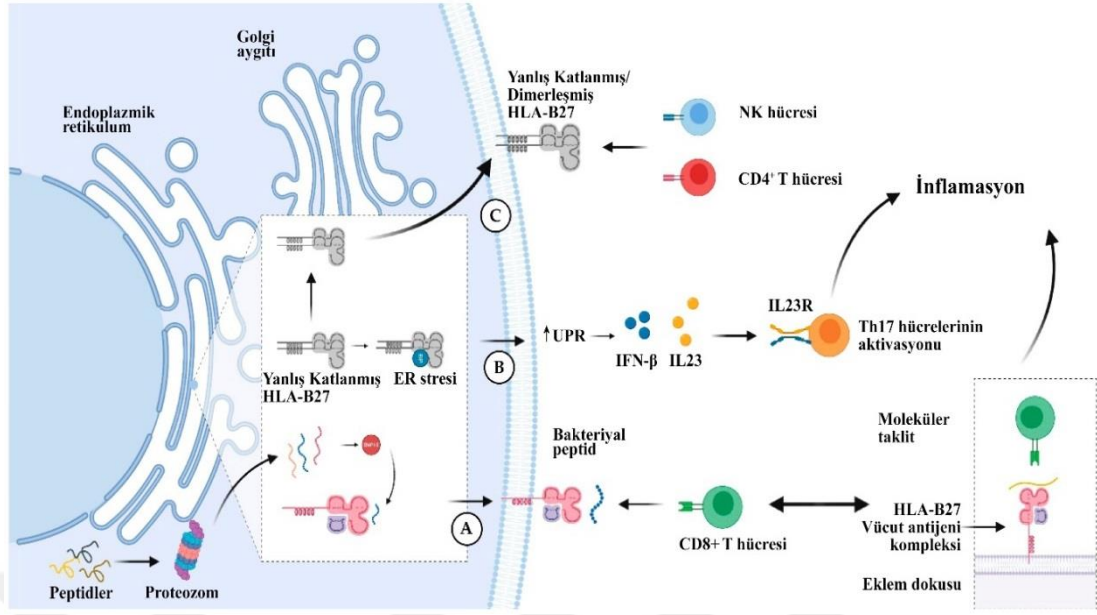
Tip I MHC molekülleri olan HLA-A,B ve C nükleusa sahip tüm hücrelerin yüzeyinde bulunur. Bu moleküller; $\alpha 1$, $\alpha 2$ ve $\alpha 3$ olarak isimlendirilen ve birbirine kovalent bağlı heterotrimerik yapıda üç polipeptitten (ağır zincir) ve bunlara kovalent olmayan bağlarla bağlanmış ve $\beta 2$ -mikroglobulin ($\beta 2m$) adı verilen (serbest hafif zincir) bir polipeptitten oluşur. Bu yapının şematik gösterimi Şekil 3'te verilmiştir.



Şekil 3. HLA Tip I Moleküllerinin Yapısı (Sharip ve Kunz, 2020)

1.3.2.1 AS moleküler mekanizması ile ilgili teoriler

HLA-B27'nin AS oluşumunda primer genetik rolü oynadığı 1973 yılından beri bilinmesine rağmen, hastalığı nasıl başlattığı hala tam olarak bilinmemektedir (Díaz-Peña ve diğerleri, 2020). Günümüzde AS oluşumunda HLA-B27'nin rolüne dair kabul görmüş 3 farklı hipotez bulunmaktadır (Ranganathan, Gracey, Brown, Inman ve Haroon, 2017). Bu hipotezler, Şekil 4'te şematik olarak verilmiştir.



Şekil 4. AS Oluşumuna Dair Hipotezler (Díaz-Peña ve diğerleri, 2020)'den uyarlanmıştır

Şekil 4'te görülen A yolu artirojenik peptid hipotezine, B yolu HLA-B27'nin yanlış katlanması hipotezine, C yolu HLA-B27 homodimeri hipotezine aittir. Bu hipotezler aşağıda detayları ile açıklanmıştır.

1.3.2.1.1 Artirojenik peptid hipotezi

AS oluşumunda HLA-B27 rolünü açıklamaya çalışan ilk hipotez budur. Bu nedenle bu hipoteze klasik hipotez de denmektedir.

HLA Tip I moleküllerinin normal fonksiyonu patojen kaynaklı antijenik peptitleri, endoplazmik retikulumda (ER) bağlayarak, hücre yüzeyine çıkarmak suretiyle CD8+ T hücrelerine sunmaktır. Bu bağlanmanın gerçekleşebilmesi için antijenik peptidin 8-10 amino asit uzunlukta olması gerekmektedir. Normalde antijenik peptitlerin yıkım işlemi sitoplazmadaki proteozomlarda gerçekleştirilir. Proteozomlarda bulunan proteazlar antijenik peptitleri 2-25 amino asitlik parçalara bölerler. Bu nedenle sitoplazmada proteozomlarda parçalanan peptitler HLA Tip I molekülleri için ya çok uzun ya da çok kısa kalırlar. HLA moleküllerine bağlanamayan bu peptitler, antijen sunumuna elverişli hale getirilebilmeleri için ER'ye taşınırlar. Bu taşıma ER zarındaki ATP-bağımlı antijen işleme ile ilişkili taşıyıcı (TAP) adı verilen proteinler aracılığıyla yapılır. ER lümenine alınan antijenik peptit HLA'ya bağlanarak antijen

sunumuna elverişli hale getirilebilmeleri için endoplazmik retikulum aminopeptidazları tarafından kırılır ve HLA'ya yüklenir (Chang, Momburg, Bhutani ve Goldberg, 2005). Bu enzimler endoplazmik retikulum aminopeptidaz 1 ve 2 (ERAP1, ERAP2) ile puromisine duyarlı aminopeptidaz (NPEPPS)'dır (Ranganathan ve diğerleri, 2017).

Bu hipoteze göre, vücut antijenleri ile patojen kaynaklı antijenler arasında bir moleküler taklit mekanizması oluşmakta, bunun sonucu olarak da HLA-B27 tarafından hatalı antijen hücre yüzeyine çıkarılarak CD+8 T hücrelerine sunulmaktadır. AS'in otoimmünite ile olan bağlantısının da buradan geldiği düşünülmektedir. Bu hipotezin bir başka versiyonuna göre ise patojenik peptit antijen, mutasyona uğramış ERAP1 tarafından yanlış kırılmakta ve bu da ER stresine neden olarak proinflamatuvar sitokinlerin salgılanması ve immün cevabın oluşmasına sebep olmaktadır (Bowness, 2015; Díaz-Peña ve diğerleri, 2020)

1.3.2.1.2 HLA-B27'nin yanlış katlanması hipotezi

AS hastalarına ait bağırsak ve sinovial sıvı örneklerinde, hücre içinde veya yüzeyinde standart olmayan HLA-B27 formlarının biriktiği görülmüştür. Biriken bu standart olmayan formlardan hücre içinde olanların yanlış katlandığı düşünülen HLA-B27'ler olduğu düşünülürken, hücre yüzeyinde ise HLA'ya ait serbest ağır zincirlerin (FHC) bulunduğu tespit edilmiştir (Ranganathan ve diğerleri, 2017).

HLA yapısındaki zincirler ER'de katlanarak bir araya gelirken ağır zincirler daha yavaş katlandıkları için, bu görüşe göre, bazen ER'yi terk etmekte gecikme yaşayabilmektedirler. Dolayısıyla yanlış katlanmış HLA molekülleri ER içinde birikmektedir. Ayrıca, HLA-B27'nin doğal stabilitesinin daha az olması nedeniyle, diğer HLA-B allotiplerine nazaran daha fazla FHC oluşturmaya yatkın olduğu bilinmektedir (Bowness, 2015; Chang ve diğerleri, 2005).

Bu noktalardan hareketle, bu hipoteze göre; ER içinde biriken yanlış katlanmış HLA-B27'lerin, ER stresine yol açarak, yanlış katlanmış protein cevabı (UPR) yolağının açılmasının veya hücre yüzeyine çıkan FHC'lerin doğal öldürücü hücreler (natural killer, NK) ve CD4+ T hücreleri tarafından tanınmasının ve hücrenin yok

edilmesinin hastalığa neden olduğu düşünülmektedir (Kenna, Robinson ve Haroon, 2015; Ranganathan ve diğerleri, 2017).

UPR yolağının açılması, interlökin 23 (IL-23) başta olmak üzere birçok sitokinin dahil olduğu bir cevabı başlatmaktadır. IL-23 reseptörlerine (IL23R) sahip Th17 hücreleri, IL-23 ile aktive edildikten sonra interlökin 17 (IL-17) salgırlar. IL-17 ile birlikte tümör nekroz faktörü α (TNF- α) en önemli inflamatuvar sitokinlerden olup AS'de görülen inflamasyonun başlıca nedenidir (Bowness, 2015; Ranganathan ve diğerleri, 2017).

1.3.2.1.3 HLA-B27 homodimeri hipotezi

HLA-B27 molekülleri bir araya gelerek dimerleşme eğilimi gösteren moleküllerdir. Hücre yüzeyinde bulunan standart olmayan HLA-B27'ler kendi başlarına patojenite sebebi olabilir, bir immün cevabı tetikleyebilirler (Ranganathan ve diğerleri, 2017).

APC'lerin yüzeyinde bulunan HLA-B27 homodimerleri, IL23R ve öldürücü hücre immünoglobülin benzeri reseptör (killer immunoglobulin-like receptor, KIR) 3DL2 taşıyan T hücrelerini (CD4+ T hücreleri), proinflamatuvar sitokin olan IL-17 salgılamak üzere uyarırlar. Diğer yandan aktive olmuş KIR3DL2 taşıyan CD4+ T hücreleri ve HLA-B27 dimerleri, Th17 hücrelerine spesifik bir transkripsiyon faktörü olan ROR γ t'nin ve anti-apoptotik bir faktör olan BCL-2'nin ekspresyonunu indüklerler. Böylece AS hastalarında Th17 hücrelerinin apoptoz yetenekleri azalır ve sürekli olarak IL-17 tarafından aktive edilerek IL-23 üretir durumda kalırlar. Bu durumun da AS'in kronikliğini getirdiği düşünülmektedir (Cauli ve diğerleri, 2014; Díaz-Peña ve diğerleri, 2020; Ranganathan ve diğerleri, 2017).

1.4 AS'TE ÇOKLU-OMİK YAKLAŞIMLAR VE ÇALIŞMA BAĞLAM

AS'in kalıtımı, ortaya çıkışı, patogenezi, prognozu ve tedavi yöntemleri ile ilgili literatürde birçok çalışma bulunmaktadır. Fakat konu, farklı seviyelerdeki -omik verilerin entegre bir şekilde incelenmesine geldiği zaman, çalışmaların hatırı sayılır derecede azaldığı görülmektedir. Yine de bu konuda yapılmış ve yayınlanmış çalışmalar mevcuttur.

Bağırsaktaki mikrobiyal komünitenin (metagenomik) ve metabolitlerin (metabolomik) entegre analizi ile Berlinberg ve diğerleri, (2021) tarafından yapılan çalışmada, hasta ve sağlıklı bireyler arasında bağırsak epitelindeki mikrobiyal popülasyonlara ve metabolitlere ilişkin farklar incelenmiştir. Bu çalışmada, 24 sağlıklı bireyin yanında 21 AS hastasına kolonoskopi uygulanmış ve örnekler öncelikle metagenomik analize tabi tutularak mikrobiyal komünitede taksonomik sınıflandırma yapılmıştır. Daha sonra yine aynı örneklerde kütle spektrometrisi (mass spectrometer, MS) yöntemi ile 600'den fazla metabolitin tayini gerçekleştirilmiştir. Taksonomik sınıflandırma aşamasında, kolon dokusundan kalması muhtemel insana ait kalıtsal materyalin ayrıştırılması amacıyla referans insan genomu da kullanılmıştır. Çalışma sonuçlarına göre; AS hastalarında, sağlıklı gruba göre omega-3 yağ asidi, genel amino asit ve özellikle triptofan türevlerini içeren yollara ait metabolit seviyelerinin arttığı gösterilmiştir. Bunun yanında, triptofan metabolizmasına ait indol içeren bileşiklerin içermeyenlere göre önemli ölçüde artış gösterdiği de bildirilmiştir. Çalışmada, özellikle indol-3-asetat (IAA) ve indol-3-asetaldehit (I3Ald) bileşiklerinin mikrobiyal kaynaklı olabileceğinin düşünüldüğü belirtilmiştir. Yapılan metagenomik sınıflandırma analizi sonucunda, *Bifidobacterium adolescentis* ve *Porphyromonas bennonis* adlı bakterilerin AS hastalarında önemli ölçüde artış gösterdiği; *Streptococcus anginosus* ve *Bacteroides dorei* adlı bakterilerin ise sağlıklı kişilerde daha fazla bulunduğu gösterilmiştir. Daha sonra, metabolomik çalışmalar sonucunda artışı gösterilen IAA ve I3Ald bileşiklerinin bakteriyel metabolik yollarla ilişkisi kurulmaya çalışılmış, bu bağlamda zenginleşen metabolik yollar ve genler tespit edilmiştir. Buna göre; sağlıklı bireylerde, L-Triptofan biyosentez yolağının önemli ölçüde zenginleştiği tespit edilmiştir. Triptofan ile ilişkili metabolik yollar açısından bakıldığında; AS hastalarında, bakteriyel komünitenin; triptofan biyosentezinden, triptofan metabolizması yollarını daha fazla kullandıkları sonucuna ulaşılmıştır.

Xiao ve diğerleri, (2022). tarafından yapılan bir başka çalışmada ise epigenomik ve transkriptomik veriler entegre bir şekilde analiz edilmiştir. Bu çalışma kapsamında 30 AS hastası ve 15 sağlıklı bireyler alınan PBMC örneklerinde metilasyon ve ekspresyon arrayi çalışmaları yapılmıştır. Ayrıca, epigenomik ve transkriptomik verilerin entegre analizinde nedensel çıkarım testi (causal inference test, CIT) adlı bir

istatistik yöntem kullanılmıştır. Çalışma sonuçlarına göre; AS hastalarında sağlıklı gruba göre, 3294'ü hipermetile, 1500'ü hipometile olmak üzere toplam 4794 diferansiyel metile bölge tespit edilmiş olup bu bölgelerin 2256 farklı gene denk geldiği bildirilmiştir. Ayrıca, bu genlerin; T hücre aktivasyonunda, immün cevapta, T hücre reseptörü (T cell receptor, TCR) sinyal yolağında, Th17 ve osteoklast farklılaşmasında rol oynadıkları belirlenmiştir. Bunun yanında, yapılan mikroarray analizi ile, AS hastalarında sağlıklı kişilere nazaran, toplam 4144 gende diferansiyel gen ekspresyonu tespit edilmiştir. Epigenomik ve transkriptomik verilerin entegre analizinde, 411 genin hem diferansiyel metile olduğu hem de diferansiyel eksprese olduğu bulunmuştur. Bu genlerin çoğunluğunun aynı anda hem hipermetile hem de hipoeksprese olduğu bildirilmiştir. Özellikle FYN genindeki diferansiyel ekspresyonun muhtemel 5 farklı diferansiyel metile bölge kaynaklı olduğu bildirilmiştir. Ayrıca CIT analizi, 11 farklı CpG adacığının LCK genindeki diferansiyel ekspresyonun sebebi olabileceği değerlendirilmiştir.

Yukarıda anlatılanlar dışında literatürde tam bir çoklu-omik veri entegrasyonu ile yapılan analizleri içeren çalışma bulunamamıştır. Var olan ve veri entegrasyonu kullanan çalışmalar ise ya bölge ya gen spesifiktir. Bu nedenle o çalışmalar buraya dahil edilmemiştir.

Literatürdeki boşluğun doldurulmasına yardımcı olacağı düşünülen bu çalışmada amaç; AS hastalığının teşhisinde ve tedavisinde kullanılabilecek yeni biyobelirteçler bulabilmektir. Bu maksatla; hücre, doku ve sistem düzeyinde bütüncül bir bakış açısı ve sistem biyolojisi perspektifi ile hareket edilerek farklı seviyelere ait -omik verilerin (transkriptomik, epigenomik, regülomik ve interaktomik) entegre analizi yoluna gidilmiştir.

BÖLÜM II: YÖNTEM

2.1 LİTERATÜR TARAMASI VE VERİ SETİ SEÇİMİ

Çalışmaya öncelikle; Google Scholar, PubMed, Science Direct gibi literatür tarama sitelerinden çalışma amaçlarına uygun olan literatürün taranmasıyla başlanmıştır. Çalışmada, 2016 yılı ve sonrasına ait, model organizma veya hücre hattı kullanılmamış, doğrudan hasta ve sağlıklı grupların bulunduğu; RNA dizileme (RNA-Seq) veya mikroarray teknolojileri kullanılarak elde edilen transkriptomik veriler veya array teknolojisi kullanılarak elde edilen metilomik veriler içeren literatür detaylıca taranmış ve bu literatür taraması Tablo 7’de verilmiştir.

Tablo 7. Literatür Listesi

Çalışma	Çalışma tipi	Örnek kaynağı	Veri erişim kodu	Veri tipi
(Chen ve diğerleri, 2017)	Transkriptomik	Th17 Hücreleri	-	Mikroarray
(Coit ve diğerleri 2019)	Epigenomik	Tam Kan	-	Mikroarray
(Ding, Guan, Wei ve Chen, 2018).	Transkriptomik	Diz Sinovial Biyopsisi	E-GEOD-41038	Mikroarray
(Fan, Qi, Ma ve Ma, 2019).	Genomik Transkriptomik	Çeşitli Veri Bankaları	GSE73754 GSE25101 GSE39428	Mikroarray
(Gao, Fu, Liu ve Zi, 2018)	Transkriptomik	Makrofajlar	E-GEOD-11886	Mikroarray
(Gracey ve diğerleri, 2016)	Transkriptomik	Tam Kan	GSE73754	Mikroarray
Gu, Liu ve Wei, 2018).	Transkriptomik	Tam Kan	GSE25101	Mikroarray
(Hao ve diğerleri, 2017)	Epigenomik	PBMC	Web’de Dosya	Mikroarray
(Kook ve diğerleri, 2019)	Transkriptomik	Tam Kan	-	Mikroarray
(Layh-Schmitt ve diğerleri, 2017)	Transkriptomik	iPS Hücreleri Tam Kan	-	RNA-Seq

(Li ve diğerleri, 2017)	Genomik Transkriptomik Epigenomik Proteomik	Çeşitli Veri Bankaları ve Tipleri		
(Li ve diğerleri, 2019b).	Genomik	Tam Kan	Web’de Dosya	Mikroarray
(Ni ve Jiang, 2018)	Transkriptomik	Tam Kan	GSE25101	Mikroarray
(Perez-Sanchez ve diğerleri, 2018)	Transkriptomik	Tam Kan	-	Mikroarray
(Prajzlerová ve diğerleri, 2017)	Transkriptomik	Plazma	-	Mikroarray
(Qian ve diğerleri, 2016)	Transkriptomik	Serum	-	RNA-Seq
(Wang ve diğerleri, 2017)	Transkriptomik	PBMC	GSE141646	RNA-Seq
(Xie ve diğerleri, 2016)	Transkriptomik	MSC	-	Mikroarray
(Xu Zhongyang, Wang ve Zheng, 2018)	Transkriptomik	Tam Kan	-	RNA-Seq
(Xu, Zhou, Zhang ve Zheng, 2018)	Transkriptomik	Çeşitli Veri Setleri	GSE73754 GSE25101	Mikroarray
(Xu Zhengkuan, Zhou, Li, Chen ve Chen, 2019).	Transkriptomik	Tam Kan	-	RNA-Seq
(Zhang ve diğerleri, 2017)	Transkriptomik	Kalça Eklemi Ligamentleri	Web’de Dosya (Erişilemedi)	Mikroarray

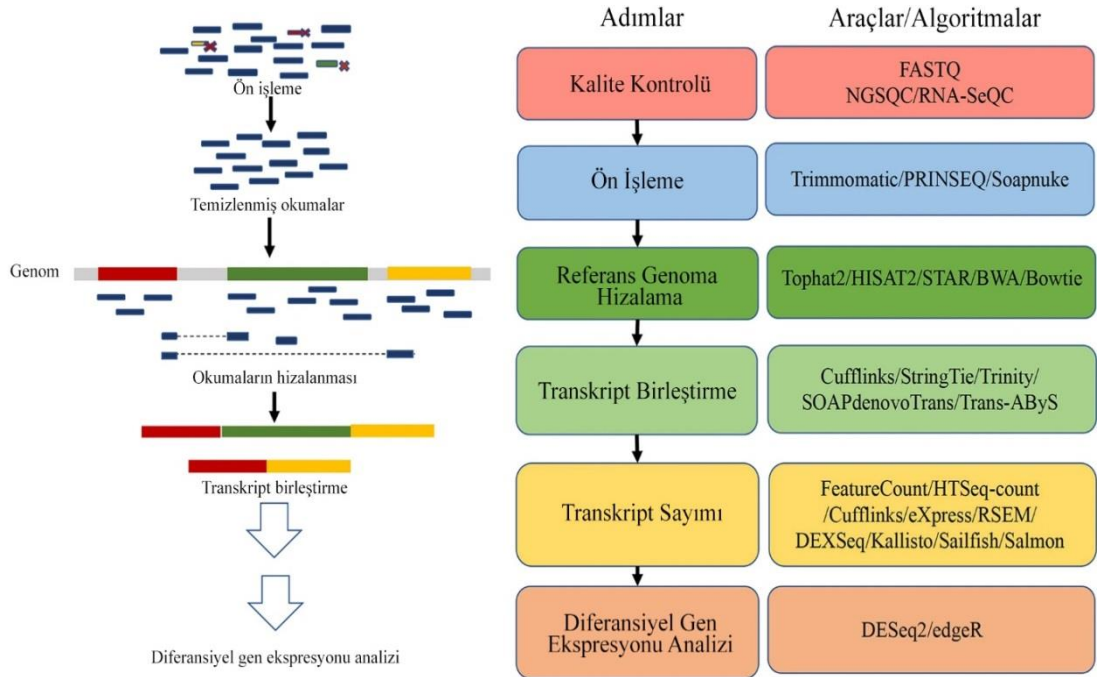
Taranan bu literatür arasından, çalışmanın doğruluk ve güvenilirliğini artırmak için; her bir kategoride, mümkün olduğunca, birden fazla veri seti seçimi yapılmıştır. Bu bağlamda, transkriptomik çalışmalar arasından; orijinali Pimentel-Santos ve diğerleri, (2011)’ne ait olan ve National Center for Biotechnology Information (NCBI)’in Gene Expression Omnibus (GEO) veri bankasında GSE25101 erişim kodu ile depolanan mikroarray verisi, Gracey ve diğerleri, (2016)’ne ait GSE73754 kodlu mikroarray verisi ve Wang ve diğerleri, (2017)’ne ait GSE141646 erişim kodlu RNA-Seq verisi seçilmiştir. Metilomik çalışmalar arasından ise erişime açık tek veri olan Hao ve diğerleri, (2017)’ne ait veri seti seçilmiştir. Gerek transkriptomik gerek metilomik çalışmalar ile ilgili erişime açık başka herhangi bir veri bulunmadığından; çalışma, bulunan bu verilerle yürütülmüştür.

2.2 TRANSKRİPTOMİK ÇALIŞMALAR

Bu çalışmada, transkriptom verilerinin analizi bağlamında; RNA-Seq veri analizi ve diferansiyel gen ekspresyonu (DGE) tayini, mikroarray verisinden DGE analizi ve Ağırlıklandırılmış Birlikte Eksprese Gen Ağı Analizi (Weighted Gene Co-Expression Network Analysis, WGCNA) gerçekleştirilmiştir. Ayrıca çalışmanın bütününde, her analiz sonrası, Gen Ontolojisi – KEGG Metabolik Yolağı (GO-KEGG) Fonksiyonel Zenginleşim Analizi de yapılmıştır. Gerçekleştirilen tüm analizler ilerleyen bölümlerde detaylarıyla açıklanmıştır.

2.2.1 RNA-Seq Veri Analizi ve DGE Tayini

Çalışmada, yeni nesil dizileme (next generation sequencing, NGS) teknolojisi ile dizilenmiş, GEO veri bankasında GSE141646 erişim kodu ile depolanan veri seti kullanılmıştır. Bu veri setinde TNF- α tedavisi görmüş 19 AS hastasının tedavi öncesi ve sonrasında alınmış periferal kan mono nükleer hücrelerine (peripheral blood mononuclear cells, PBMC) ait transkriptomun dizi bilgisi bulunmaktadır. Bu veri seti üzerinde standart RNA-Seq veri analizi iş akış protokolleri uygulanmış ve sonrasında gen anlatımı istatistiksel olarak anlamlı şekilde değişen genler (diferansiyel gen ekspresyonu, DGE) tespit edilmiştir. RNA-Seq dizi verilerinin biyoinformatik analizinin standart iş akışı Şekil 5'te verilmiştir.



Şekil 5. RNA-Seq Veri Analizi İş Akış Şeması (Hong ve diğerleri (2020)’dan uyarlanmıştır)

Şekil 5’te solda, yapılan işlemlerin şematik gösterimi bulunmaktadır. Sağdaki “Adımlar” bölümünde; kalite kontrol, ön işleme, genoma hizalama, transkript birleştirme ve ekspresyon kantifikasyonu aşamalarından oluşan iş akışı görülmektedir. En altta bulunan DGE analizi/tayini standart iş akışı içinde olmamakla birlikte bu işlemler tamamlandıktan sonra en çok tercih edilen işlemidir. Bu basamağın yapılıp yapılmaması çalışmaya bağlı olup zorunlu değildir. En sağdaki bölümde ise bu işlemlerde kullanılan araçlar ve/veya algoritmalar verilmiştir.

2.2.1.1 Verinin edinilmesi

Çalışmada kullanılan veri setinde, 19 hastanın tedavi öncesi ve sonrası elde edilen ham dizileme verileri bulunmaktadır. Verilerin çok büyük boyutlu olması ve analizinin ev tipi bilgisayarlarla çok uzun sürmesi nedeniyle bulut tabanlı hesaplama platformlarının kullanılması zaruret haline gelmiştir. Bu nedenle analizler Galaxy platformunda gerçekleştirilmiştir (Afgan ve diğerleri, 2018). Her bir dizi verisi, Galaxy’nin gömülü fonksiyonlarından olan “Faster Download and Extract Reads in FASTQ” fonksiyonu ile NCBI’nin Dizi Okumaları Arşivi’nden (Sequence Read Archive, SRA) Galaxy platformu içerisine FASTQ dosya formatında alınmıştır.

2.2.1.2 Kalite kontrol

RNA-Seq veri analizinin daha doğrusu dizileme teknolojisinin kullanıldığı bütün çalışmaların analizi kalite kontrol adımı ile başlar. Dizilemenin tamamlanmasının ardından NGS cihazından alınan ham veri bilgisayar ortamına aktararak FASTQ dosyasında saklanır. FASTQ dosyası her bir dizi okuması (read) için 4 satırlık bir kod parçası içerir. Buna ilişkin örnek Şekil 6’da verilmiştir.

```
@SEQ_ID
GATTTGGGGTTCAAAGCAGTATCGATCAAATAGTAAATCCATTTGTTCAACTCACAGTTT
+
!''*((( (**+))%%%++) (%%%) .1***-+*' '))*55CCF>>>>>CCCCCCC65
```

Şekil 6. Örnek FASTQ Dosyası İçeriği

Şekil 6’da görülen kod parçasının her bir satırının açıklaması şöyledir:

- Satır 1: @ işareti ile başlar ve her bir okuma için bir kimlik veya açıklama içerir.
- Satır 2: Okunan nükleotid dizisidir.
- Satır 3: + işareti başlar ve bir açıklama içerebilir.
- Satır 4: Okunan her bir nükleotide karşılık gelen kalite skorunun (Phred Skoru) ASCII karakterleri ile kodlanmış halini içerir. 2. satırdaki nükleotid dizisi ile aynı uzunluktadır.

Phred skoru, okunan her bir bazın, doğru okunma oranının göstergesi olan bir skorlama yöntemidir ve Denklem 1’deki gibi hesaplanır (Ewing, Hillier, Wendl ve Green, 1998).

$$Q_{\text{Phred}} = -10 \log_{10} P$$

Formüldeki Q, Phred skorunu; P ise bir nükleotidin yanlış okunmuş olma olasılığını simgeler. Buna göre elde edilebilecek bazı Phred skorlarının anlamlarına ilişkin tablo aşağıda verilmiştir.

Tablo 8. Phred Skorları ve Anlamları

PHRED SKORU	YANLIŞ OKUMA OLASILIĞI	DOĞRULUK
10	10'da 1	%90
20	100'de 1	%99
30	1000'de 1	%99,9
40	10.000'de 1	%99,99
50	100.000'de 1	%99,999

Tablo 8'de de görüleceği üzere, örneğin, 20 Phred skoru; okunan bazın 0.01 ihtimalle yanlış okunduğunu veya başka bir deyişle okumanın %99 oranında doğru olduğunu gösterir.

Daha önce Galaxy'ye alınan FASTQ dosyası, kalite kontrol işlemi için FASTQC aracına Andrews, (2010) girdi olarak verilmiş ve kalite kontrol (QC) raporu alınmıştır.

2.2.1.3 Ön işleme (Kırpma/Temizleme)

Kalite kontrol aşamasından sonra, okumalar, sonraki adımlar için öncelikle bir ön işlemeden geçerler. Ön işlemenin başlıca üç amacı vardır, bunlar;

- Deney protokolünde bulunan ve okunacak nükleotid fragmentlerin başına eklenerek makinedeki kutucuklara sabitlemeye yarayan adaptör diziler (genelde 12-13 baz çifti) ile primerler, poli-A kuyrukları vb. dizilerin eliminasyonu,
- Belirli bir uzunluğun altındaki (genelde 15 baz çifti) nükleotid fragmentlerinin eliminasyonu,
- Deneysel ve teknik kalıntıların eliminasyonudur.

Bu işlemlerin gerçekleştirilebilmesi için en yaygın kullanılan algoritmalarından biri Trimmomatic'tir (Bolger, Lohse ve Usadel, 2014). Çalışmada FASTQ dosyası bu araca girdi olarak verilmiş, adaptör kırpma (ILLUMINACLIP) opsiyonu aktive edilmiş ve eşik Phred skoru 20 olarak girilmiştir. Bu sayede 20'den düşük skorlu okumalar elimine edilmiş ve yeni FASTQ dosyası elde edilmiştir.

2.2.1.4 Genoma hizalama

RNA-Seq veri analizinin en önemli basamağı; okumaların, genomda tam olarak nereye karşılık geldiğini bulmak için yapılan, bir referans genoma hizalama işlemidir. İnsan referans genomu, Genom Referans Konsorsiyumu (GRC) tarafından yayınlanmaktadır. Bu çalışmada, referans genom olarak GRCh37 (hg19 olarak da adlandırılır) kullanılmıştır.

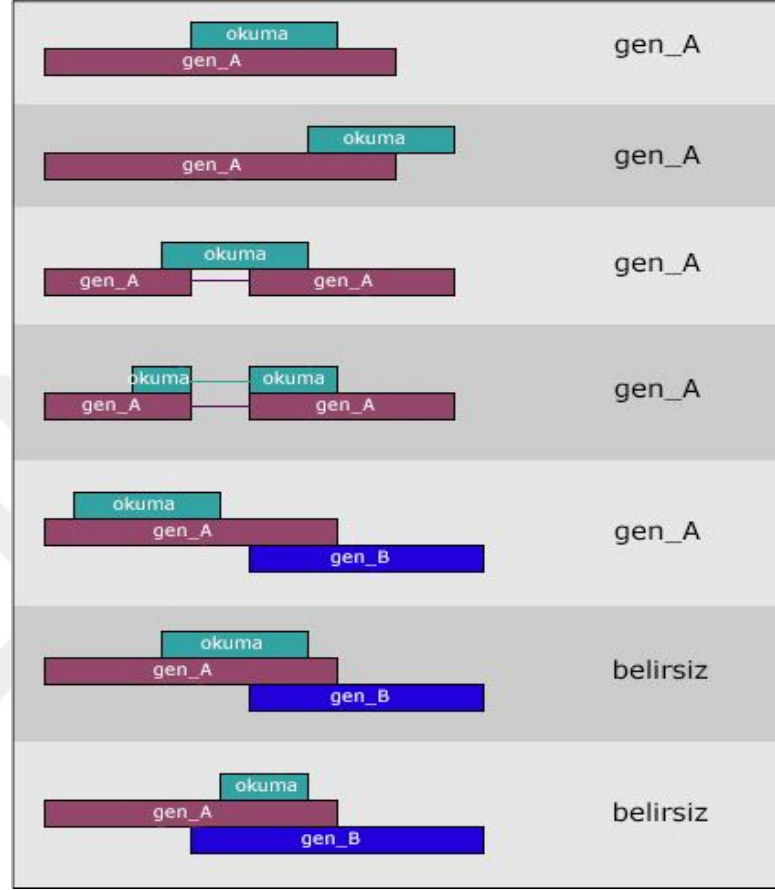
Hizalama işlemi için, çalışma gereksinimlerine bağlı olarak, farklı algoritmalar kullanılabilmektedir. Bu çalışmada STAR hizalama algoritması kullanılmıştır (Dobin ve diğerleri, 2013). Galaxy platformunda bulunan STAR arayüzü (RNA STAR olarak geçmektedir), girdi olarak, okumaların olduğu FASTQ dosyası ve referans genom seçimi dışında bir de gen modeli istemektedir. Gen modeli, referans genomda bulunan RNA kodlayan bölgelerin tanımlandığı ve adlandırıldığı bir sistem olarak düşünülebilir. Diğer bir deyişle, gen modeli, referans genomda bulunan genlerin yerlerini ve adlarını belirten GTF veya GFF3 formatında bir dosyadır. Çalışmada, GENCODE projesi tarafından sağlanan hg19 referans genomuna ait gen modeli kullanılmıştır (Frankish ve diğerleri, 2019). Çıktı olarak ise, çalışmanın amacına bağlı olarak; her bir gen başına düşen okuma sayısını, her bir transkript başına düşen okuma sayısını veya her ikisini birden SAM veya BAM formatlı dosya olarak vermektedir.

Çalışmanın bu aşamasında; ön işleme basamağından sonra elde edilen FASTQ dosyası, hg19 referans genomu ve bu genoma ait gen modeli RNA STAR aracına girdi olarak verilerek arayüzde bulunan diğer ayarlar varsayılan olarak bırakılmış ve çıktı olarak gen sayılarını içeren BAM dosyası alınmıştır.

2.2.1.5 Transkript birleştirme ve ekspresyon kantifikasyonu

RNA-Seq veri analizinin bu aşamasında referans genoma haritalanan/hizalanan transkriptler birleştirilir ve her bir gen başına düşen okuma sayısı hesaplanır. Okumalar, referans genomda bulunan genlerin herhangi bir bölgesine veya genin sadece bir bölümüne veya gen içerisinde bölünmüş olarak haritalanmış olabilir. Bu aşamada, algoritmalar, bu gibi durumları ele alarak sayım işlemini yaparlar. Bu

çalışmada, bu algoritmalarından, featureCounts kullanılmıştır (Liao et al., 2014). Bu algoritmanın sayım işleminde dikkate aldığı durumlar Şekil 7’de verilmiştir.



Şekil 7. featureCounts Sayım Yöntemi (Harvard Chan Bioinformatics Core, (t.y.))’dan uyarlanmıştır)

Şekil 7’de de görüldüğü üzere okumanın bir gende başlayıp diğer gende bittiği durumlarda veya aynı anda birden fazla gene haritalandığı durumlarda, featureCounts, sonucu “belirsiz” olarak vermekte ve bunları saymamaktadır.

Galaxy’deki featureCounts arayüzüne girdi olarak, haritalama işlemi sonrası elde edilen BAM dosyası ve gen modeli verilmiş ve gen ID’lerinden (kimlik) ve bu genlere denk gelen okuma sayılarından oluşan bir tablo elde edilmiştir.

2.2.1.6 DGE analizi

Esasen RNA-Seq veri analizinin standart protokolü genlere denk gelen okumaların sayılmasıyla tamamlanmış olur. Fakat, yapılan bu çalışmada olduğu gibi; farklı koşullar arasında meydana gelen gen anlatım farklılıklarının incelenmesinde ve anlatımları istatistiksel olarak anlamlı ölçüde değişen genlerin tespitinde, diferansiyel gen ekspresyonu (DGE) analizi son adım olarak uygulanır. Bu çalışmada yapılan DGE analizinin amacı, TNF- α tedavisi uygulanmış AS hastalarında, tedavinin gen ekspresyon profiline olan etkisini incelemektir. Diğer bir deyişle, TNF- α inhibitörlerinin hangi genlerin anlatımında değişikliğe neden olarak tedavi imkânı sunduğunu tespit etmek ve bu sayede AS moleküler mekanizmasını daha iyi anlamak ile daha spesifik tedavi seçenekleri geliştirebilmektir.

DGE analizinde çeşitli algoritmalar kullanılmakla birlikte, bu çalışmada, DESeq2 algoritması kullanılmıştır (Love, Huber ve Anders, 2014). Bu algoritma negatif binom dağılımlı bir model kullanarak, farklı koşullar arasında, sayım verisindeki varyans-ortalama bağımlılığını tahmin eder.

Galaxy'deki DESeq arayüzü girdi olarak, featureCounts sonrası elde edilen tabloları kullanır. Burada önemli olan nokta, her bir örnek için (toplam 44 adet) bu noktaya kadar yapılmış işlemler sonucunda elde edilen sayım tablolarını toplu bir şekilde vermektir. DESeq2 bu 44 ayrı tabloyu kullanarak hesaplama yapmıştır. DESeq2 arayüzü Şekil 8'de verilmiştir.

DESeq2 Determines differentially expressed features from count tables (Galaxy Version 2.11.40.7+galaxy1)

how
Select datasets per level

Factor

1: Factor

Specify a factor name, e.g. effects_drug_x or cancer_markers

TNFa_Treatment

Only letters, numbers and underscores will be retained in this field

Factor level

1: Factor level

Specify a factor level, typical values could be 'tumor', 'normal', 'treated' or 'control'

POST

Only letters, numbers and underscores will be retained in this field

! Please provide a value for this option.
Counts file(s)

No tabular dataset available.

2: Factor level

Specify a factor level, typical values could be 'tumor', 'normal', 'treated' or 'control'

PRE

Only letters, numbers and underscores will be retained in this field

Counts file(s)

No tabular dataset available.

+ Insert Factor level

+ Insert Factor

Şekil 8. DESeq2 Arayüzü

Şekil 8’de görülen veri giriş alanlarının dikkatle doldurulması önemlidir. Zira, DESeq2, faktör seviyesi 2’ye (Factor Level 2) göre faktör seviyesi 1’deki (Factor Level 1) değişimleri dikkate alır. Yani, Şekil 8’de görüleceği gibi giriş yapılarak (POST: Sonra, PRE: Önce), algoritmanın, tedavi sonrası gen anlatımlarının tedavi öncesine göre olan değişimlerini hesaplaması sağlanmıştır. 44 sayım tablosunun her biri bu kritere göre uygun faktör seviyesine girdi olarak verilmiştir. DESeq2 çıktı olarak; her satırda sayımı yapılan genler ve her sütunda bu genlerden her birine ait olan:

- Gen ID'sini (GeneID)
- Tüm örneklerden gelen normalize edilmiş gen sayılarının ortalamasını (Base Mean),
- Faktör 2'ye göre Faktör 1'deki kat değişimi oranının 2 tabanındaki logaritmasını ($\log_2FC$),
- Standart hatayı (StdErr),
- Wald istatistiğini (Wald-Stats),
- p değerini (P-value),
- Düzeltilmiş p değerini (P-adj) içeren bir tablo verir.

Bu adımla birlikte RNA-Seq veri analizi ve DGE tayini işlemi tamamlanmıştır.

2.2.2 Mikroarray Verisinden DGE Tayini

DNA mikroarrayleri veya DNA çipleri, aynı anda binlerce genin anlatımını tespit veya kantifiye etmek amacıyla tasarlanmış deneysel ekipmanlardır. Tasarlanan bu çiplerde “prob” adı verilen ve tespit veya kantifiye edilmek istenen genlere ait mRNA dizisine komplementer olan (complementary DNA, cDNA) çift iplikli DNA molekülleri bulunur. Floresan boyalarla işaretlenen mRNA molekülleri problarla hibridize olduğunda oluşan floresan ışımaya optik bir okuyucu tarafından algılanır. Her mikroarray deneyinin sonucunda ise, kullanılan platforma bağlı olarak, bu ışımaların olduğu bir veya iki adet optik yoğunlukları gösteren resim verisi elde edilir. Elde edilen bu verinin analizi ise üç basamakta yapılır. Bunlar; elde edilen görüntünün analizi, kalibrasyon ve normalizasyon ile istatistik analiz ve DGE tayinidir (Kelmansky, 2013; Microarray Learn Science at Scitable, n.d).

Bu çalışmada GEO’da bulunan Pimentel-Santos ve diğerleri, (2011)’na ait GSE25101 erişim kodlu mikroarray verisi ile Gracey ve diğerleri, (2016)’na ait GSE73754 erişim kodlu mikroarray verisi kullanılmıştır. Bu veriler, normalizasyon aşamasından sonra elde edilen veriler olup istatistik analizleri yazarlar tarafından gerçekleştirilmemiştir. Çalışma kapsamında gerçekleştirilen tüm istatistiksel analizler; RStudio programında (ver. 1.4.1717), R programlama dili (ver. 4.0.2) kullanılarak yapılmıştır.

Çalışmada kullanılan veri setlerinden; GSE101 kodlu veri seti Illumina HumanHT-12 V3.0 expression beadchip platformu, GSE73754 kodlu veri seti Illumina HumanHT-12 V4.0 expression beadchip platformu kullanılarak elde edilmiştir. Bu veri setlerinde, her bir sağlıklı ve hasta bireyden alınan örnek için her bir proba karşılık gelen anlatım seviyeleri ile deneyin doğruluğunu kontrol etmek için çipe eklenmiş kontrol problemlerine ait veriler bulunur. İstatistik analizlere ve DGE tayinine geçmeden önce bu veri setlerinin bir ön işleminden geçirilmesi gerekir.

Ön işleme süreci kullanılan çip tasarımına bağımlı olduğu için, bu süreçte; çip üreticisi tarafından sağlanan ve çipteki problemlerin, üretildiği dönemde bilindiği kadarıyla, hangi genlere veya genomik bölgelere karşılık geldiği bilgisini içeren bir tanımlama dosyasına (gene annotation file) ihtiyaç duyulur.

Ön işlemeye; tanımlama dosyasında “kontrol probu” olarak tanımlanmış problemlere ait verinin, veri setlerinden çıkartılması ile başlanmıştır. Bu sayede salt genlere veya genomik bölgelere ait ekspresyon verisi elde edilmiştir. Sonraki basamakta, tanımlama dosyasındaki “sembol” alanı boş olan problemlere ait veriler, veri setlerinden çıkarılmıştır. Bu sayede gen tanımlaması yapılmamış dizilere ait ekspresyon verisi de veri setlerinden çıkartılmıştır. Bu aşama sonrasında sadece tanımlanan genlere ait ekspresyon seviyelerini içeren veri setleri elde edilmiş olur.

Dünya çapında tanımlanan her bir genin resmi bir adı ve gen sembolü vardır. İnsanlar için bu adlandırma ve sembollendirme işlemi İnsan Genom Organizasyonu Gen Adlandırma Komitesi (HUGO Gene Nomenclature Committee, HGNC) tarafından yapılır. Bu tez kapsamında yapılan çalışmaların tümünde, genlerin resmi HGNC sembolleri kullanılmıştır.

Mikroarray problemleri, çipin üretildiği tarihte var olan bilimsel bilgi birikimini yansıtır. Diğer bir deyişle, üretildiği dönemde gen olarak tanımlanmış dizilerin sonraki zamanda elde edilen bilgilere göre aslında gen olmadıkları anlaşılmış olabilir. Ayrıca, o zamanda yapılan gen adlandırmaları da değişmiş olabilir. Bu gerçeklerden hareketle, tanımlama dosyasında gen olarak tanımlanmış her bir proba ait sembollerin güncellenmesi işlemi yapılmıştır. Bu güncelleme işlemi, HGNC’nin Çoklu Sembol Kontrol Aracı (Multi-Symbol Checker Tool) ile gerçekleştirilmiştir (Multi-symbol checker HUGO Gene Nomenclature Committee, t.y). Güncelleme

sorgusu sonucu; girdi olarak verilen genlere ait sembollerden, HGNC tarafından, “geri çekildi” veya “eşleşmedi” tanımlaması yapılan genlere ait olan problemlere ait veriler de veri setlerinden çıkarılmış ve ön işleme süreci tamamlanmıştır. Tüm bu ön işleme süreçlerinden sonra, Ocak 2021 itibarıyla, güncel genlere ait ekspresyon değerlerini içeren veri setleri elde edilmiştir.

İstatistiksel analiz ve DGE tayini bağlamında; ekspresyonu, hasta ve sağlıklı bireyler arasında anlamlı olarak değişen genler bulunmuştur. Bu anlamlılık değerlendirmesinde, her bir gen için, hasta ve sağlıklı grup arasındaki ekspresyon değerlerinin ortalamaları student t-test ile karşılaştırılmış ve p değeri 0,05’in altında olan genlerin ekspresyonunun anlamlı olarak değiştiği kabul edilmiştir.

2.2.3 Ağırlıklandırılmış Gen Birlikte Anlatım Ağ Analizi (WGCNA)

Biyolojik sistemler, genlerin tek başlarına iş gördükleri yapılar değildir. En basit bir hücrede bile, genler birbirleri ile ilişki içindedir ve tekil olarak gen anlatım profilleri, bu ilişkileri göstermede ve biyolojik sistemi anlamlandırmada yetersiz kalır. Bu nedenle, bütüncül bir yaklaşımla gen anlatımlarını analiz etmek; hücrede, dokuda veya organizmada meydana gelen değişiklikleri anlamlandırmada kritik öneme sahiptir. Bu noktada, Langfelder ve Horvath (2008) tarafından geliştirilen Ağırlıklandırılmış Gen Birlikte Anlatım Ağ Analizi (Weighted Gene Co-Expression Network Analysis, WGCNA) yöntemi AS hastaları ve sağlıklı bireyler arasındaki, toplu halde gerçekleşen gen anlatım değişikliklerini tespit etmek amacıyla uygulanmıştır.

Bu yöntemin uygulanış protokolü çeşitli basamaklar içermektedir. Bu basamaklar sırasıyla; veri girişi ve ön işleme, ağ kurulumu ve modül tayini ile görselleştirme. Çalışmada kullanılan tüm transkriptomik veriler (GSE25101, GSE73754, GSE141646), bir önceki bölümlerde anlatıldığı şekilde DGE analizi yapılmadan hemen önceki halleriyle ayrı ayrı bu analize tabi tutulmuşlardır.

2.2.3.1 Veri girişi ve ön işleme

WGCNA, R programlama diliyle yazılmış bir algoritmalar bütünüdür (paket). Bu nedenle tüm analizler RStudio üzerinden gerçekleştirilmiştir. WGCNA protokolü, verilerin RStudio platformuna alınması işlemi ile başlar. Analiz edilen her üç veri

setinin orijinali de ilk sütunda gen sembollerinden ilk satırda ise kişi adlandırmalarından oluşmaktadır. WGCNA, tamamen matematiksel bir hesap yaptığı için bu ilk satır ve sütun veri setlerinden çıkartılmıştır. Ayrıca algoritma, satırlarda kişiler, sütunlarda genler şeklinde bir format istemektedir. Bu nedenle bu aşamada veri setlerinin bir nevi transpozu alınmış; satırlar sütun, sütunlar ise satır yapılmıştır.

Veri biliminde, bir veri seti analize hazırlanırken ilk basamak kayıp değerlerin (missing value) varlığını araştırmak ve varsa uygun olan adımları atmaktır. Bu nedenle, bir sonraki aşamada genlere veya kişilere ait ekspresyon değerlerinde kayıp veri bulunup bulunmadığı kontrol edilmiştir. Normalde algoritma, bu test sonrasında otomatik olarak kayıp değer bulunan genleri veya kişileri veri setinden çıkarmaktadır. Fakat, çalışmada kullanılan hiçbir veri setinde kayıp değer bulunmadığından protokolün uygulanmasına aynı veri setleri ile devam edilmiştir.

Veri setlerinin istatistiki analizinde diğer bir problem ise aşırı değerlerin (outlier) varlığıdır. Bu değerlerin; analizlerin uygulanabilirliğini ve güvenilirliğini etkilememesi için, bu değerlerden çeşitli şekillerde kurtulma yoluna gidilir. WGCNA protokolü, bu işlemi, veri setindeki kişileri hiyerarşik kümelemeye (hierarchical clustering) tabi tutarak yapar. Çalışmada kullanılan tüm veri setlerinde de bu kümeleme işlemi yapılmıştır. Sadece GSE73754 kodlu veri setinde 2 adet örnek aşırı değer olarak değerlendirilmiş ve bu kişiler (örnekler) ilerleyen analizlere dahil edilmemiştir. Kümeleme işleminin tamamlanması ile analiz edilebilir nitelikte veri setleri elde edilerek ilk basamak tamamlanmış ve sonraki aşamaya geçilmiştir.

2.2.3.2 Ağ kurulumu ve modül tayini

Biyolojik sistemlerin doğası gereği; bazı genlerin etkileri hücre, doku veya organizma için diğerlerinden daha belirgindir. Bu nedenle, bu analiz yönteminde ağırlıklandırma metodu kullanılmıştır. Bu metoda göre öncelikle bir benzerlik matrisi oluşturulur. Burada benzerlikten kasıt her bir gen çiftinin deneyler arasındaki benzer ekspresyon profillerinin bir ölçüsüdür. Daha sonra bu benzerlik matrisi, bir bitişiklik fonksiyonu kullanılarak bitişiklik matrisine dönüştürülür. Esasen ağırlıklandırma, bu dönüşümde kullanılan bitişiklik fonksiyonu ile yapılır. WGCNA protokolü, sigmoid ve üstel olmak üzere iki tip bitişiklik fonksiyonu kullanır. Yapılan analiz otomatize bir şekilde gerçekleştirildiği için fonksiyon denklemleri burada verilmemiştir.

Otomatik metot üstel bitişiklik fonksiyonunu kullanır ve her gen çifti için yakınlık değerinin β adlı bir parametre cinsinden üssünü alır. Buradaki β değerine yumuşak eşik (soft threshold) adı verilir. Ayrıca, ağ analizlerinde, düğüm bağlantılarının frekans dağılımları da bir üstel fonksiyon ile ifade edilir. Burada önemli olan bir husus yumuşak eşik, düğüm bağlantılarını her defasında genler arasında var olan ilişkiyi yansıtmak suretiyle minimize edecek şekilde tüm ağ topolojisi üzerinde ölçekten bağımsızlığı (Scale Free Topology) sağlamasıdır. Zira WGCNA'nın iddiası küçük ama koordineli değişiklikleri yakalayabilmesidir (Zhang ve Horvath, 2005).

Tüm bu anlatılanlar ışığında, ağ kurulumu aşamasının ilk adımı her bir veri seti için ölçekten bağımsızlığı sağlayacak yumuşak eşik değerinin tespit edilmesidir. Bu amaçla test edilecek β değerleri, protokolde önerildiği gibi seçilerek grafik üzerinde gösterilmiş ve grafikteki eğrilerin düzleşmeye başladığı noktalar yumuşak eşik değerleri olarak seçilmiştir (Şekil 14-16).

Birbirleri ile en fazla sayıda ilişki (bağlantı) içeren genlerin bir araya toplandıkları gruplar modül olarak ifade edilir. Ağ kurulumunu yapan fonksiyon, yumuşak eşik değerine ek olarak minimum modül büyüklüğü ve minimum benzerlik değerlerine ihtiyaç duyar. Tüm veri setleri için minimum modül büyüklüğü 30, minimum benzerlik değeri 0,75 olarak seçilmiştir. Yani diğer bir deyişle, örnekler arasındaki ekspresyon profilleri en az %75 oranında benzeyen minimum 30 gen bir modül oluşturacaktır.

2.2.3.3 Görselleştirme

WGCNA protokolü, ağ kurulumu sonrası oluşturulan modüllere mensup genleri temsilen, her bir modül için matematiksel bir ifade olan öz-gen (eigengene) tanımlaması yapar. Modül öz-genleri, aslında, her bir modülün ilk temel bileşenidir (principal component 1, PC1). Modüller arası ilişkilerin tespiti için öncelikle modül öz-genleri hiyerarşik kümelemeye tabi tutulmuş, ardından ısı haritası çizdirilmiştir. Tüm bu görselleştirme işlemi, WGCNA paketindeki bir kod ile yapılabilmektedir. WGCNA, bulduğu modülleri renkler ile adlandırır. Modül adları olarak görünen renklendirmeyi ise en fazla bağlantılı gen içeren modül rengi turkuaz ve sırayla azalan gen sayılarına sahip olmak üzere; turkuaz, mavi, kahverengi, sarı, yeşil,

kırmızı, siyah ve pembe olarak yapar. Veri setinde olan fakat herhangi bir modül içerisinde yer almayan genler ise gri modülde bulunur ve ısı haritasında gösterilmez.

2.2.4 Fonksiyonel Zenginleşim Analizi

Gerek RNA-Seq gerekse de mikroyarray analizlerinden sonra elde edilen DGE'ler tek başlarına bir anlam ifade etmezler. Yapılan çalışmaların temelinde, bulunan bu genlerin biyolojik anlamlarının tespiti yatmaktadır. Bu nedenle elde edilen DGE'lerin; moleküler fonksiyonlarının ne olduğunun, hangi biyolojik süreçlerde rol aldıklarının, hangi hücre kompartmanlarında bulunduklarının ve hangi metabolik yollarda bulunduklarının tespiti gereklidir (Subramanian ve diğerleri, 2005). Genler için tanımlanmış olan moleküler fonksiyon (MF), biyolojik süreç (BP) ve hücre kompartman (CC) bilgilerine Gen Ontolojisi (gene ontology, GO) denir. Bununla birlikte bir genin hangi metabolik yolda/yollarda görev aldığı araştırılmasına ise Metabolik Yola Analizi denir. Metabolik yola analizi için çeşitli kaynaklar kullanılmakla birlikte en çok Kyoto Gen ve Genom Ansiklopedisi (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, KEGG) veri bankası kullanılmaktadır. Bir gen setinde (listesinde), istatistiksel olarak öne çıkan (zenginleşen) gen ontolojilerini tespit etme işlemine Gen Seti Zenginleştirme Analizi (Gene Set Enrichment Analysis, GSEA) denir ve çoğunlukla metabolik yola zenginleşim analizi ile birlikte yapılarak Fonksiyonel Zenginleşim Analizi veya GO-KEGG Zenginleşim Analizi adını alır (Wang, 2013).

Fonksiyonel zenginleştirme analizlerinde esasen yapılan şey aşırı temsil analizidir (Over-Representation Analysis, ORA). Bu yöntemle temel olarak bir gen listesi ile organizmaya ait bilinen tüm genlerin, diğer bir deyişle tüm metabolik yolların ve biyolojik proseslerin, birbirleriyle üst üste örtüşme (overlap) derecesi hesaplanmaktadır. ORA'nın temel varsayımı, bir biyolojik proses veya yolağın eldeki gen listesinde bulunan genlerle tanımlanabilme olasılığının, şans eseri beklenen bir orandan fazla olmasıdır. Bunun istatistiksel anlamı ise eldeki gen listesi ile bilinen genlerin birbiri ile örtüşmesi sonucu aşırı temsil edilerek zenginleşmiş olan biyolojik proses ve yolların, uygun bir skora (Jaccard indeksi) veya istatistik hesaplama (Fisher's Exact Test veya çoğunlukla hipergeometrik dağılım) sonucu elde edilen bir p değeri ile ortaya konmasıdır. Bu p değeri, çoklu test probleminden etkilenmemesi

adına, genellikle Benjamini-Hochberg yöntemi ile düzeltilmiş p değerine (adjusted p-value, adj-p/p-adj) dönüştürülür (Boyle ve diğerleri, 2004).

Çalışmada kullanılan tüm transkriptomik verilerden önceki bölümlerde anlatıldığı şekliyle elde edilen DGE'ler ve WGCNA sonucunda her üç veri seti için bulunan tüm modüllerdeki genler için GO-KEGG zenginleşim analizi yapılmıştır. Bu analiz, internet ortamında g:Profilers adlı bir aracın g:GOST adlı fonksiyonu kullanılarak, adj-p<0,05 anlamlılık düzeyinde gerçekleştirilmiştir (Raudvere ve diğerleri, 2019). Analize; gen ontolojilerinden sadece biyolojik süreç dâhil edilmiş, metabolik yolak analizi için kaynak olarak ise KEGG seçilmiştir.

2.3 EPIGENOMİK ÇALIŞMALAR

2.3.1 Metilasyon Analizi ve DMG Tespiti

Epigenetik; DNA diziliminde bir değişikliğe neden olmayan ve mitoz veya mayoz bölünme ile sonraki jenerasyonlara aktarılabilen değişikliklerdir. Bu geri dönüşümlü olan değişimler genlerin fonksiyonlarında değişimlere neden olarak gen anlatımının farklılaşmasını sağlarlar (Armstrong, 2015). Bu çalışma kapsamında, epigenetik değişimlerden biri olan DNA metilasyonları irdelenmiştir. DNA metilasyonları büyük çoğunlukla (%80), sitozinlerin (C) 5' metillenerek 5'-metilsitozin'e dönüşmesi ile olur. Bu metilasyonlar genellikle sitozin-guanin dinükleotid bakiyelerinde gerçekleştiği için bu bölgelere CpG adacıkları denir.

Çalışmada, Hao ve diğerleri (2017) tarafından yapılan çalışmadan elde edilen metilasyon array verisi kullanılmıştır. Metilasyon arrayi sonuçları da tıpkı mikroyarrayler gibi bir dizi işleminden geçirilerek, diferansiyel metile gen (DMG) analizine hazır hale getirilir. Bahsedilen çalışma bağlamında, yazarlar tarafından sunulan veri seti, istatistiksel analizi yapılmış verilerden oluşmaktadır. Dolayısıyla, bu çalışma kapsamında sadece DMG tayini yapılmıştır.

DMG tayini yapabilmek için veri setinin yapısı ve veri setinde bulunan bazı önemli noktaların bilinmesi gerekmektedir. Veri setindeki ilk sütunda, çipteki metilasyon problemlerine üretici tarafından verilen cg kodları bulunmaktadır. Deneyde kullanılan çip tasarımı, insan genomundaki 450.000'den fazla metillenme bölgesini analiz

edebilmeye imkân vermektedir. Dolayısıyla 450.000'den fazla cg kodu bulunmaktadır. Veri setinin başka bir sütununda bu kodların, genin hangi bölgesine tekabül ettiği bilgisi de bulunmaktadır. Cg kodlarından hemen sonra gelen sütunlarda hasta ve sağlıklı bireylere ait metilasyon seviyeleri bulunmaktadır. Her bir cg kodlu bölgenin, hasta veya sağlıklı bireylerdeki metilasyon seviyelerinin ortalaması β değeri olarak ifade edilmiş ve hem hastaların hem sağlıklıların β değerleri ayrı ayrı sütunlarda verilmiştir. Ayrıca, hasta ve sağlıklı bireyler arasındaki metilasyon farklarının ölçümü amacıyla, sağlıklı bireylerin β değerlerinden hasta bireylerinin çıkartılmasıyla elde edilmiş β farkı (β difference) sütunu da bulunmaktadır. Esasında, her bir cg kodlu bölge için hasta ve sağlıklı bireyler arasındaki metilasyon farkı, β farkı değeri ile ifade edilmiştir. Bunların dışında her bir cg kodlu bölge için hasta ve sağlıklı bireylerdeki metilasyon seviyelerinin ortalamalarındaki farkın anlamlılığı, çalışmadan edinilen bilgiye göre, Empirical Bayes Moderated t test ile test edilmiş ve test sonucu elde edilen p-değeri ile Benjamini-Hochberg metodu ile düzeltilmiş p-değeri de ayrı ayrı sütunlarda verilmiştir.

DMG tespitinde RStudio programında R programlama dili ile çalışılmıştır. Burada veri seti öncelikle $p < 0,05$ ölçeğinde filtre edilmiş, daha sonra ise β farkının mutlak değeri 0,2'den büyük olacak şekilde filtrelemeye tabi tutulmuştur. Bu sayede, hasta ve sağlıklı bireyler arasındaki metilasyon seviyesi, istatistiki olarak anlamlı olacak şekilde, %20'den fazla değişikliğe uğramış (hipo veya hiper metilasyon yönünde) cg bölgeleri tespit edilmiştir. Daha sonra, genlerin birden fazla bölgesinde metillenme değişikliği görülebileceği gerçeğinden hareketle, bulunan bu cg bölgelerinin hangi tekil genlerde olduğu tespit edilmiştir. Bu son aşama ile birlikte DMG tespiti tamamlanmıştır.

2.4 REGÜLOMİK-İTERAKTOMİK ÇALIŞMALAR

2.4.1 Regülomik Çalışmalar

Regülomik; gen anlatımını her seviyede (transkripsiyon, translasyon) değiştiren/kontrol eden mekanizmaların bütüncül bir bakış açısıyla ele alınmasıdır (Gillard ve diğerleri, 2021). Bu çalışmada, regülomik bağlamında transkripsiyon faktörleri (TF) irdelenmiştir.

Transkripsiyonel düzeyde gen anlatımı kontrolünün ana bileşeni ise transkripsiyon faktörleridir. Ökaryotik RNA Polimeraz enzimi, bir genin transkripsiyonunu yalnız başına başlatamaz, TF'lere bağımlıdır. Ökaryotik transkripsiyonun başlamasında, TF'lerin ve RNA polimerazın, promotöre bağlanması genellikle yeterli olmakla birlikte; transkripsiyonun kontrolünde, uzak ve yakın DNA dizileri de (kontrol elemanları) önemli rol oynar. Ayrıca bir TF ile kontrol elemanlarının etkileşime girmesi, transkripsiyon başlatma kompleksinin promotör üzerinde pozisyon almasında etkin role sahiptir (Campbell ve Reece, 2008).

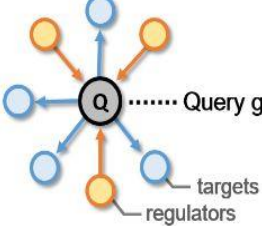
Bu çalışma kapsamında, tespiti yapılan DMG'lerin ekspresyonlarını, promotör bölgeye bağlanmak suretiyle kontrol eden TF'ler araştırılmıştır. Bahsedilen teorik arka plan ışığında buradaki amaç; transkriptomik ve epigenomik çalışmalar ile birlikte, hasta ve sağlıklı bireyler arasındaki gen anlatımı değişikliklerini olası tüm yönleriyle ele almak ve bu değişimlerin hangi mekanizmalar aracılığıyla gerçekleştiğini ortaya koymaktır.

DMG promotörlerine bağlanan TF'lerin tespitinde ilk basamak, veri setindeki cg bölgelerinin promotör bölgeye denk gelip gelmediğinin belirlenmesidir. Bu bilgi veri setinde mevcuttur. Veri setindeki bir sütunda her bir cg bölgesinin genlerin neresinde bulundukları verilmiştir. Burada cg bölgeleri için; TSS1500, TSS200, 3'UTR, birinci ekzon, gen içi, 5'UTR ve genler arası bölge tanımlamaları yapılmıştır. Promotör tanımı ve sınırları, bilimsel arenada tam olarak yerleşmemiş olmakla birlikte, transkripsiyon başlangıç bölgesinin (transcription start site, TSS) 1500 baz üst bölgesine (TSS1500) kadar yapılan tanımlamalar mevcuttur (Titus, Way, Johnson ve Christensen, 2017). Bu nedenle veri setinde, bir cg bölgesi için yapılan TSS200 veya TSS1500 tanımlamaları, promotör bölge olarak kabul edilmiştir. Buna göre, tespit edilen diferansiyel metile cg bölgelerinden TSS200 veya TSS1500 tanımlaması yapılanlar, RStudio programında R programlama dili kullanılarak filtrelenmiş ve bu cg bölgelerinin ait oldukları genler tespit edilmiştir. Böylece, hasta ve sağlıklı bireyler arasında, promotöründe anlamlı metilasyon değişikliği bulunan genler tespit edilmiştir.

Regülomik çalışmalar kapsamında, TF ve bunların hedef genlerinin tespitinde TRRUST adlı internet tabanlı bir veri bankası kullanılmıştır (Han ve diğerleri, 2018). Bu noktada, şu sorulara cevap aranmıştır:

1. Tüm DMG'ler içerisinde ürünü TF olan var mıdır?
2. TF olan DMG'ler hangi hedef genlerin anlatımını kontrol etmektedir? (Hedef gen tespiti)
3. Promotörü diferansiyel metile olan DMG'ler (DMP olarak adlandırılmıştır) hangi TF'ler tarafından kontrol edilmektedir? (Anahtar TF tespiti)

Bu sorgulamaların yapıldığı TRRUST arayüzü Şekil 9'da verilmiştir.



Query gene

targets

regulators

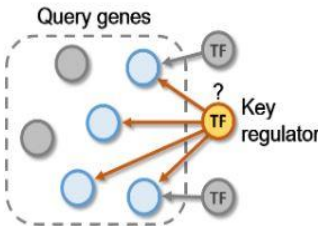
1. Search a gene in TRRUST database

Submit a query gene below.

Tables for [human genes](#) and [mouse genes](#) included in TRRUST.

Species: ☒ Human ☐ Mouse

****Examples****



Query genes

Key regulator

2. Find key regulators for query genes

Submit a set of genes for a function/pathway/phenotype. (Min=5, Max=500)

Each gene name must be separated by comma, tab, white space or new line.
Input format: Entrez Gene ID (79923) or Gene Symbol (NANOG)

Species: ☒ Human ☐ Mouse

****Examples****

Example gene sets

#1: 33 DEGs perturbed by ESR1 knockdown in human breast tumors.
Muthukaruppan et al., Clin Breast Cancer, 2017

Şekil 9. TRRUST Arayüzü

Yukarıda verilen ilk iki soru için, tüm DMG listesi, Şekil 9’da görünen ikinci kısma yapıştırılarak sorgulama gerçekleştirilmiştir. Üçüncü soru için ise, promotörü diferansiyel metile olan DMG listesi kullanılmıştır. Tüm bu sorgulamalar ardından her üç sorunun cevabı olan gen listeleri ayrı ayrı elde edilmiş ve regülomik çalışmalar böylece tamamlanmıştır.

2.4.2 İnteraktomik Çalışmalar

Hücrelerde, kalıtsal materyallerin (DNA ve RNA) iletişim ağı dışında proteinlerin de bir iletişim ve etkileşim ağı vardır. Esasen proteinlerin birbirleri ile olan etkileşimleri, diğer bir deyişle protein-protein etkileşimleri (protein-protein interaction, PPI) hücresel görevlerin gerçekleştirilmesinde ve gerek içsel gerek çevresel uyaranlara cevap verilmesinde hayati rol oynamaktadır. İnteraktomik; genel anlamda hücre içi etkileşim tiplerinin (DNA-RNA, DNA-Protein, Protein-Protein vb.) bütüncül bir bakış açısıyla ele alınması anlamına gelmekle birlikte bu çalışma özelinde protein-protein etkileşimlerine odaklanılmıştır (Salas, Stacey, Akinlaja ve Foster, 2020).

Çalışma kapsamında, DMG’lere ait proteinlerin birbirleriyle olan etkileşimleri irdelenmiştir. Protein-protein etkileşim verisine, STRING adlı internet tabanlı bir veri bankası üzerinden ulaşılmıştır (Szklarczyk ve diğerleri, 2021). Bu veri bankası sayesinde, bir gen listesinde bulunan genlerin protein ürünleri arasındaki etkileşim ağı sorgulanabilmektedir. Çalışmanın amacına uygun olacak şekilde promotörü metile genlerin listesi ile bu sorgulama gerçekleştirilmiştir. STRING, gen listesinde olması muhtemel kodlama yapmayan genleri otomatik olarak elimine etmektedir. Dolayısıyla daha önceden ayriyeten bir eliminasyon yapılmamıştır. Sorgulama sonrası elde edilen ağın görselleştirilmesi sonraki bölümde anlatılmıştır.

2.5 VERİLERİN GÖRSELLEŞTİRİLMESİ VE ENTEGRASYONU

2.5.1 Verilerin Görselleştirilmesi

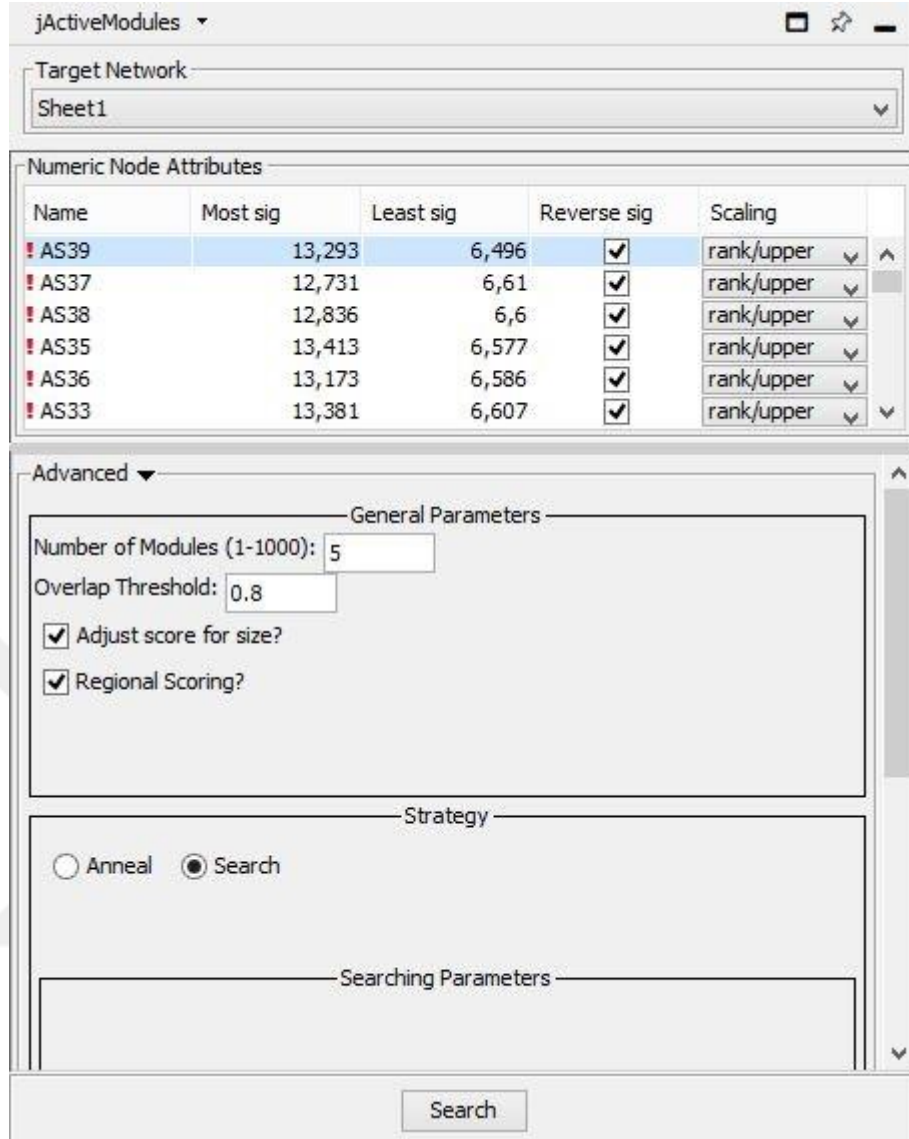
STRING veri tabanı kullanılarak elde edilen protein-protein etkileşim ağı, Cytoscape programı (ver. 3.8.2) kullanılarak görselleştirilmiştir (Shannon ve diğerleri, 2003).

Bir önceki basamakta sorgulaması yapılan etkileşim ağı, doğrudan, STRING veri tabanından Cytoscape programına alınmıştır. Böylece, DMP'lere ait proteinlerin etkileşim ağı görselleştirilmiştir. Bu yöntemin yanında Cytoscape, bir tablo halinde verilen etkileşim verisini de görselleştirebilmektedir. Bu metot ile bir önceki bölümde elde edilen DMG TF-hedef gen, anahtar TF-DMP etkileşimlerinin de DMP etkileşim ağına eklenmesi sağlanmış böylece bütüncül bir ağ görseli elde edilmiştir. Elde edilen bu ağ için AS'in bağlama özel biyolojik etkileşim ağı (AS-BEA) tanımlaması yapılmıştır.

2.5.2 Verilerin Entegrasyonu

Elde edilen AS-BEA, promotörü diferansiyel metile genlerin proteinleri arasındaki etkileşimler ile bu genleri kontrol eden TF'ler ve bu TF'lerin hedef genlerinden oluşmaktadır. Çalışmanın bu son aşamasında, elde edilen bu ağ üzerine, daha önceden analizleri gerçekleştirilen transkriptomik veriler entegre edilmiştir. Bununla hem epigenetik hem de transkripsiyonel açıdan aktif olan genlerin tespiti amaçlanmıştır.

AS-BEA üzerine GSE25101 ve GSE73754 kodlu transkriptomik verilerin entegrasyonu, Cytoscape için geliştirilmiş jActiveModules aracı ile gerçekleştirilmiştir (Ideker, Ozier, Schwikowski ve Siegel, 2002). Entegrasyon işlemi her veri seti için ayrı ayrı yapılmıştır. Bu amaçla, her iki veri setinden elde edilen DGE verisi bir tablo olarak, gen sembolleri örtüşecek şekilde Cytoscape'e alınmıştır. Böylece, AS-BEA'daki her bir gene karşılık gelen ekspresyon verisi bir özellik olarak ağa tanımlanmış olur. Daha sonra Cytoscape içerisinde çalışan jActiveModules aracına ait gerekli ayarlamalar yapılarak analiz gerçekleştirilmiştir. Bahsedilen ayar ekranı Şekil 10'da verilmiştir.



Şekil 10. jActiveModules Arayüzü

Şekil 10’da görüleceği üzere her bir kişiye ait gen anlatımı düzeyi jActiveModules tarafından algılanmıştır. Bu noktada gen anlatımı düzeyinin önem derecesi belirtilmek zorundadır. En yüksek gen anlatımı bu çalışma açısından için en önemli konumdadır. Bu bağlamda gerekli ayarlar şekildeki gibi yapılmış ve analiz gerçekleştirilmiştir. Bu işlem sonucunda transkriptomik olarak en fazla aktif olan genlerin toplandığı beş modül elde edilmiştir.

BÖLÜM III: BULGULAR

3.1 TRANSKRİPTOMİK ÇALIŞMALARIN SONUÇLARI

3.1.1 RNA-Seq Veri Analizi Sonuçları

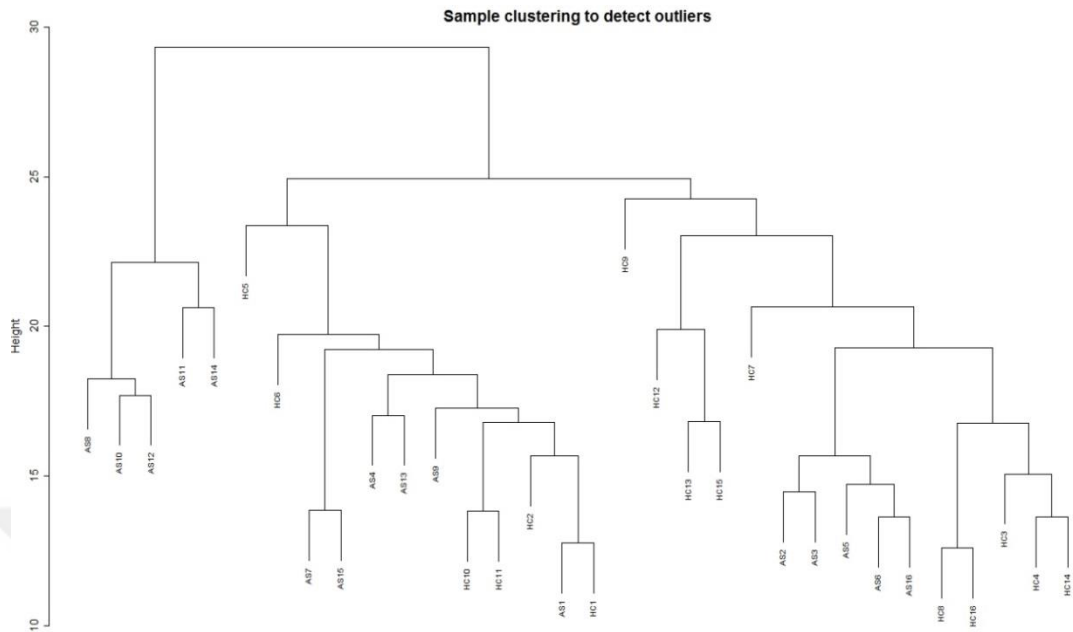
Bu çalışma kapsamında RNA-Seq veri analizi toplam 6 kere yapılmıştır. Bu analizler sonrasında her bir gen için 19 hastanın tedavi öncesi ve sonrası sayım verisi elde edilmiştir. Örneklerin %90'ından fazlasında 10 değerinin altında kalan transkriptler elimine edilmiştir. Ardından bu sayım verileri normalize edilmiştir. Çalışma tedavi değişkenine bağımlı şekilde önce ve sonra durumlarını incelediğinden eşleştirilmiş örneklem t-testi (paired t-test) uygulanmış, $p < 0,05$ anlamlılık düzeyinde eliminasyon yapılarak 6.222 gen tespit edilmiştir. Bu işlemin uygulanma nedeni her bir bireyin tedavi öncesi-sonrası farklılıklarını ele alarak bireyler arası farkların elimine edilmesidir.

3.1.2 Mikroarray Verileri Analiz Sonuçları

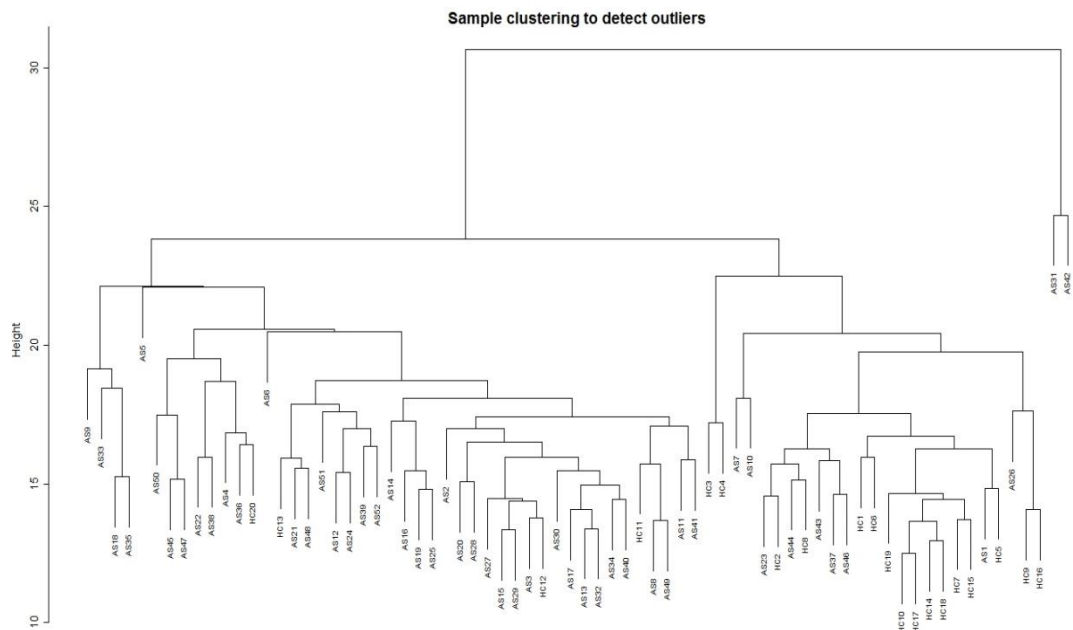
GSE25101 ve GSE73754 kodlu veri setleri mikroarray yöntemiyle elde edilmiş verilerdir. Her iki veri setinde de genlerle ilişkili problemler ve gen anlatımını temsilen normalize optik yoğunluk verileri yer almaktadır. Her iki veriye de metodoloji bölümünde belirtilen işlemler uygulandıktan ve DGE analizini temsilen hasta ve sağlıklı gruplar arasında t-testi yapıldıktan sonra ($p < 0,05$); GSE25101 veri setinde 2576, GSE73754 veri setinde 5368 tekil genin DGE olduğu tespit edilmiştir.

3.1.3 WGCNA Analiz Sonuçları

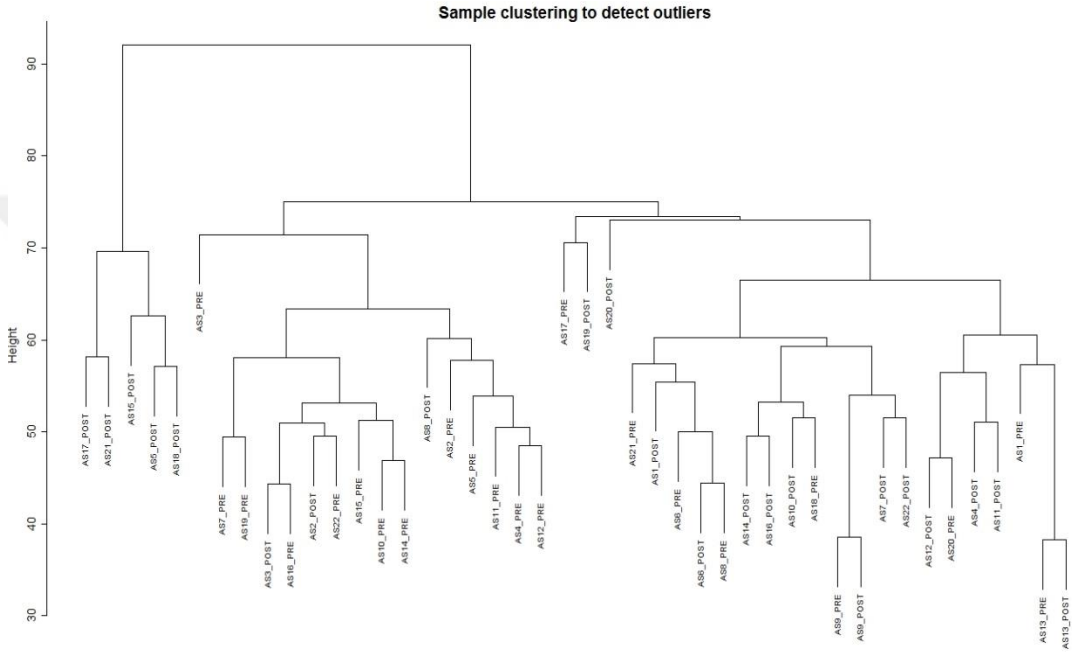
Tüm transkriptomik veri setleri üzerinde WGCNA çalışması yürütülmüştür. WGCNA protokolünün başında uygulanan örnek kümeleme çalışmaları sonuçları Şekil 9, Şekil 10 ve Şekil 11'de verilmiştir.



Şekil 11’de de görüldüğü gibi veri setinde bulunan hiçbir örnek, çalışmanın sağlığını etkileyecek şekilde aşırı değerlerde değildir. Bu nedenle WGCNA, GSE25101 veri setindeki tüm örnekler kullanılarak yapılmıştır.



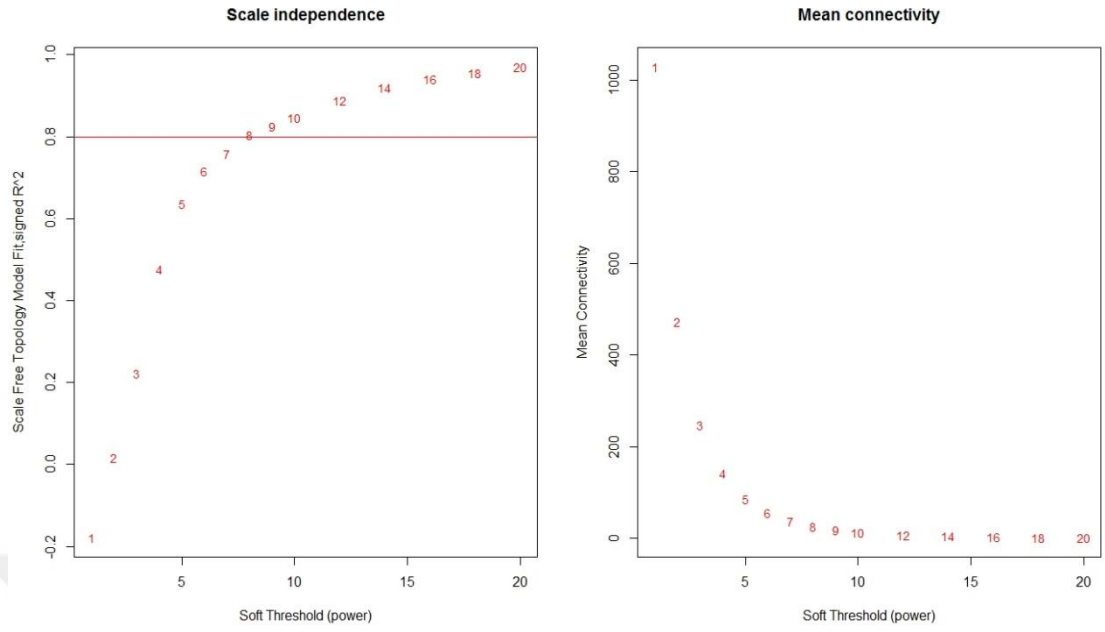
Şekil 12’de de görüleceği üzere 31 ve 42 numaralı hasta örneklerinin (AS31, AS42), diğer tüm örneklerden farklı olmak suretiyle, çalışmanın sağlığını etkileyecek şekilde aşırı değerlerde olduğu tespit edilmiştir. Bu nedenle WGCNA, GSE73754 veri setinde bulunan AS31 ve AS42 kodlu örnekler çıkarılarak yapılmıştır.



Şekil 13. GSE141646 Örneklerinin Kümelenmesi

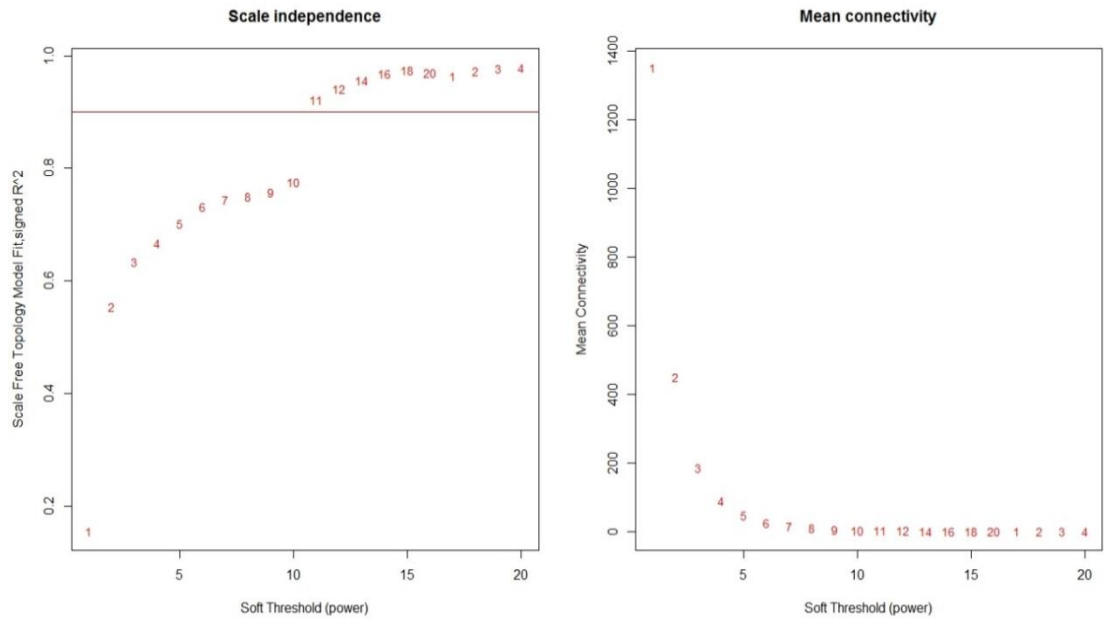
Şekil 13’te de görüldüğü gibi veri setinde bulunan hiçbir örnek, çalışmanın sağlığını etkileyecek şekilde aşırı değerlerde değildir. Bu nedenle WGCNA, GSE141646 veri setindeki tüm örnekler kullanılarak yapılmıştır.

Seçilen örneklerin kullanıldığı WGCNA protokolünde bir sonraki aşama olarak, her veri seti için ölçekten bağımsızlığı sağlayan en düşük kuvvet katsayısı (yumuşak eşik) belirlenmiştir. Her üç veri seti için de ölçekten bağımsızlığı sağlayan kuvvet katsayılarının değişimi ve bunun gen çiftleri arasındaki korelasyon üzerine etkileri; Şekil 14, Şekil 15 ve Şekil 16’da verilmiştir.



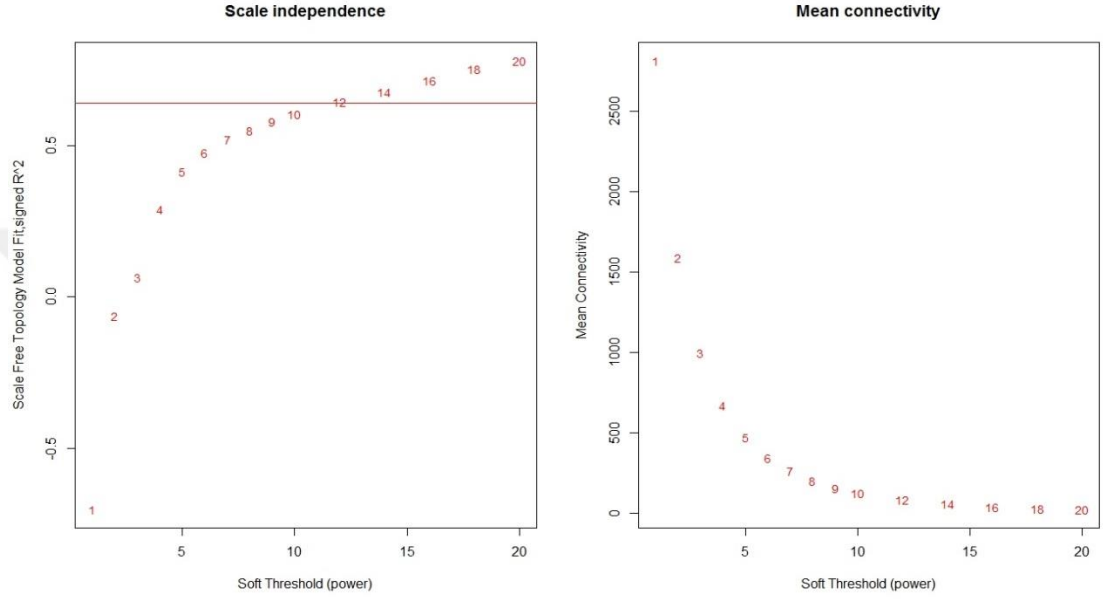
Şekil 14. GSE25101 için Ölçekten Bağımsızlık ve Ortalama Bağlantı Grafikleri

Şekil 14’te de görüldüğü gibi, yöntem bölümünde anlatıldığı üzere her iki grafikteki eğrinin düzleşmeye başladığı değer olan 8, GSE25101 için yumuşak eşik olarak belirlenmiştir.



Şekil 15. GSE73754 için Ölçekten Bağımsızlık ve Ortalama Bağlantı Grafikleri

Şekil 15'te de görüldüğü gibi, yöntem bölümünde anlatıldığı üzere her iki grafikteki eğrinin düzleşmeye başladığı değer olan 11, GSE73754 için yumuşak eşik olarak belirlenmiştir.



Şekil 16. GSE141646 için Ölçekten Bağımsızlık ve Ortalama Bağlantı Grafikleri

Şekil 16'da da görüldüğü gibi, yöntem bölümünde anlatıldığı üzere her iki grafikteki eğrinin düzleşmeye başladığı değer olan 12, GSE141646 için yumuşak eşik olarak belirlenmiştir.

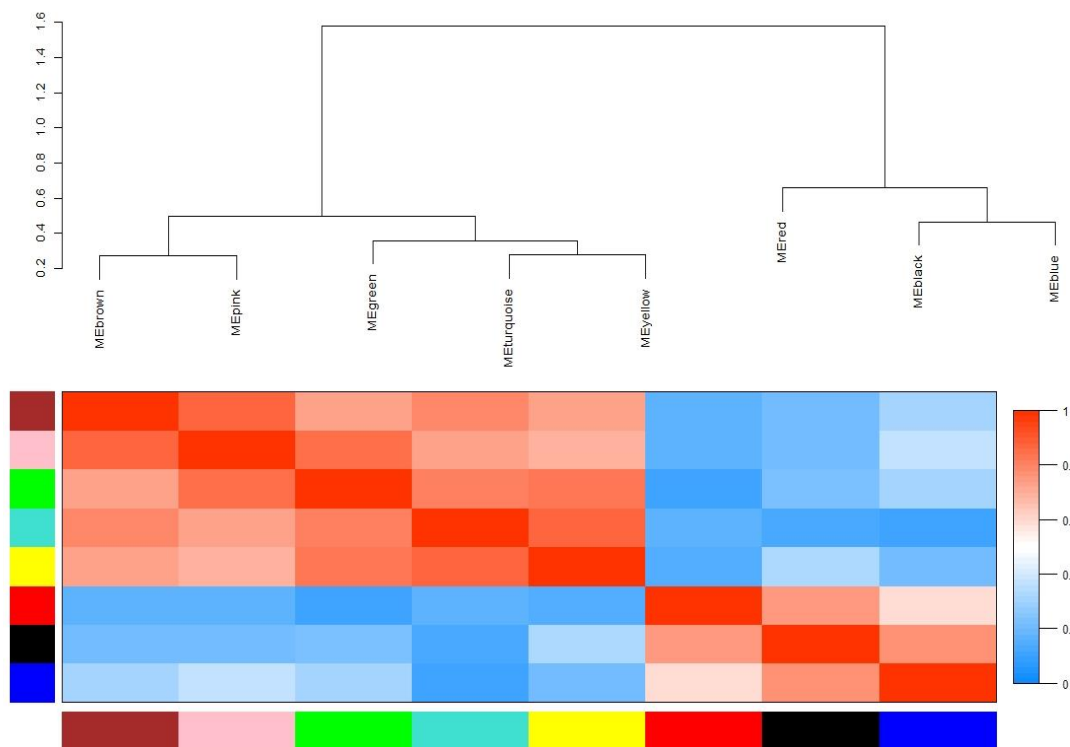
WGCNA, sonuç olarak birlikte eksprese olan genlerin temsil edildiği öbekler (modül) oluşturmaktadır. Her bir veri setine ilişkin modül ve modüllerdeki gen sayılarına ilişkin bilgi Tablo 9 ve Tablo 10'da verilmiştir. Ayrıca modüllerde bulunan genler liste halinde Ek-1'de sunulmuştur.

Tablo 9. WGCNA Sonuçları

Veri Seti	DEG Sayısı	Modül Sayısı	Modüllerdeki Toplam Gen Sayısı
GSE25101	2576	8	2695
GSE73754	5368	8	2672
GSE141646	6222	7	5233

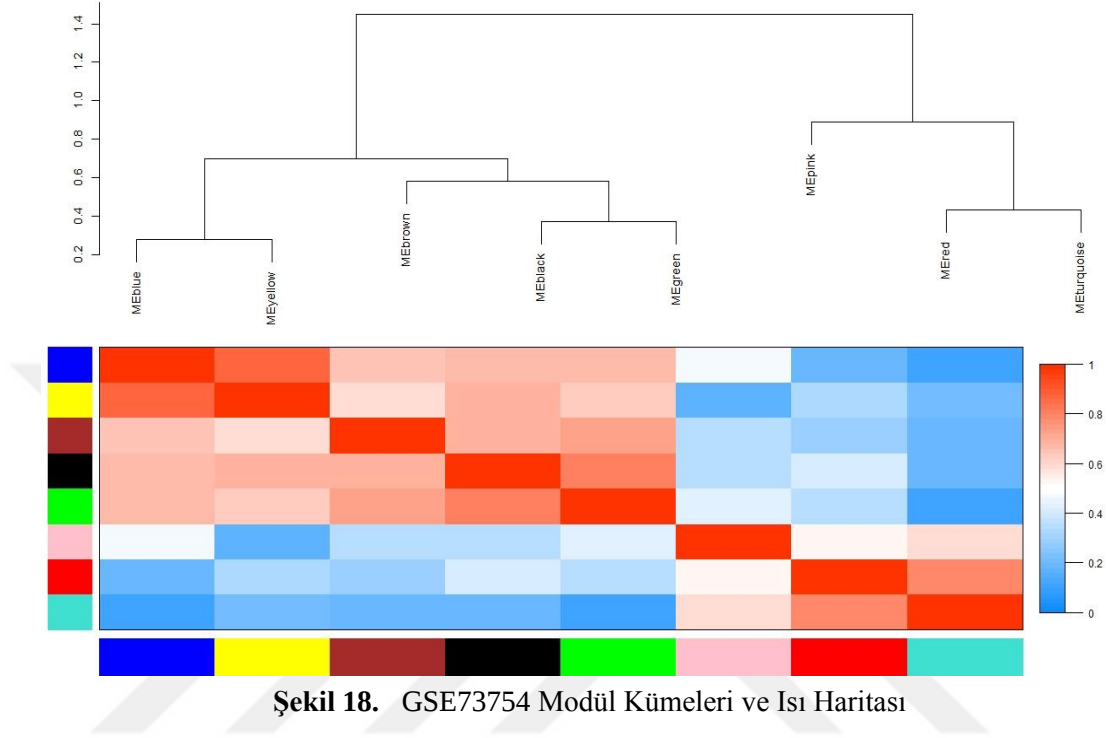
Modül Rengi	GSE25101	GSE73754	GSE141646
Turkuaz	960	1410	4360
Mavi	726	446	403
Kahverengi	296	269	230
Sarı	228	233	72
Yeşil	157	138	53
Kırmızı	150	91	58
Siyah	117	45	57
Pembe	61	40	-

Bu modüllere ait öz-genlerin (eigengene) birbirleriyle oluşturdukları ilişkiler ve bunlara ilişkin ısı haritaları her bir veri seti için Şekil 17, Şekil 18 ve Şekil 19'de gösterilmiştir.

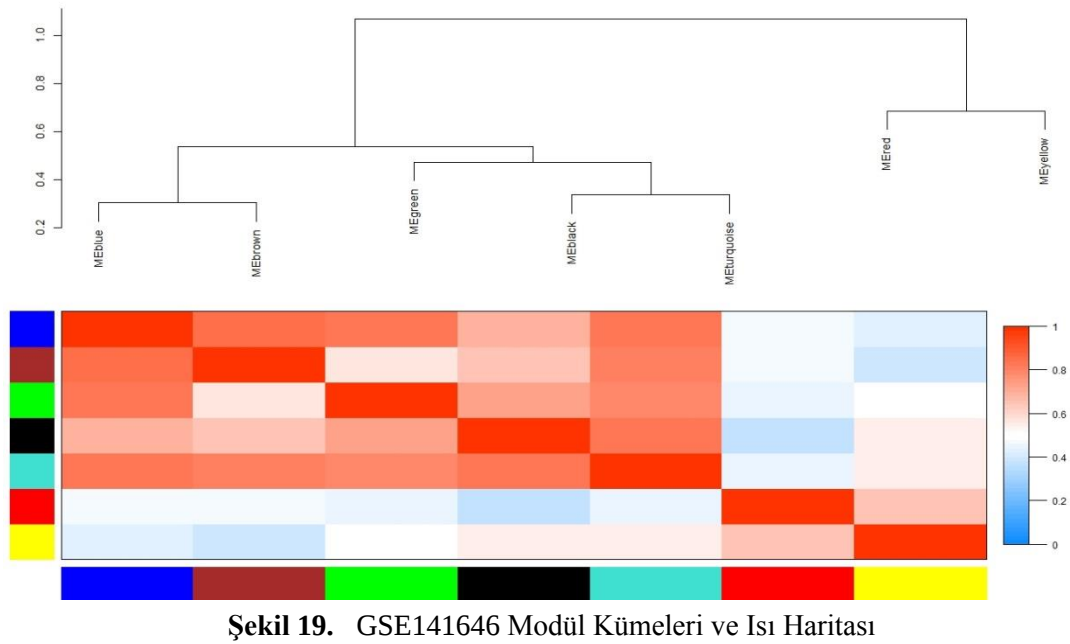


Şekil 17. GSE25101 Modül Kümeleri ve Isı Haritası

Şekil 17’de üst kısımda, GSE25101 modüllerine ait öz genlerin hiyerarşik kümeleşme diyagramı, alt kısımda ise buna ait ısı haritası görünmektedir.



Şekil 18’de üst kısımda, GSE73754 modüllerine ait öz genlerin hiyerarşik kümeleşme diyagramı, alt kısımda ise buna ait ısı haritası görünmektedir.



Şekil 19’da üst kısımda, GSE141646 modüllerine ait öz genlerin hiyerarşik kümeleşme diyagramı, alt kısımda ise buna ait ısı haritası görünmektedir.

Bulunan modüllerdeki genlerle GO biyolojik proses terimi-KEGG metabolik yolağı zenginleştirme analizi yapılmıştır. Elde edilen sonuçlar, Adj-P<0,05 olmak üzere her bir veri setine ait sadece turkuaz ve mavi modüllerin ilk beş terimi için; Tablo 11, Tablo 12 ve Tablo 13’te sunulmuş olup tüm liste Ek-2’de verilmiştir.

Tablo 11. GSE25101 WGCNA Sonuçlarının GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	239	4.20E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0046483	heterocycle metabolic process	363	2.82E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044238	primary metabolic process	595	3.63E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0008152	metabolic process	654	4.03E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0071704	organic substance metabolic process	629	6.11E-04
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0006518	peptide metabolic process	95	2.21E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0043043	peptide biosynthetic process	85	2.37E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0006412	translation	83	2.78E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0043933	protein-containing complex subunit organization	150	2.78E-14
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03010	Ribosome	33	1.06E-13

Tablo 12. GSE73754 WGCNA Sonuçlarının GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0006412	translation	221	9.67E-70
	GO Biyolojik Proses	GO:0043043	peptide biosynthetic process	223	5.91E-68
	GO Biyolojik Proses	GO:0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	161	7.27E-64
	GO Biyolojik Proses	GO:0043604	amide biosynthetic process	232	1.86E-60
	GO Biyolojik Proses	GO:0042254	ribosome biogenesis	130	1.42E-58
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0002274	myeloid leukocyte activation	72	6.88E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0002366	leukocyte activation involved in immune response	74	2.29E-24
	GO Biyolojik Proses	GO:0002263	cell activation involved in immune response	74	3.25E-24
	GO Biyolojik Proses	GO:0002275	myeloid cell activation involved in immune response	62	4.94E-22
	GO Biyolojik Proses	GO:0043299	leukocyte degranulation	60	4.66E-21

Tablo 13. GSE141646 WGCNA Sonuçlarının GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	1025	8.77E-42
	GO Biyolojik Proses	GO:0051649	establishment of localization in cell	840	1.53E-37
	GO Biyolojik Proses	GO:0043299	leukocyte degranulation	238	1.67E-33
	GO Biyolojik Proses	GO:0002275	myeloid cell activation involved in immune response	241	2.03E-33
	GO Biyolojik Proses	GO:0002283	neutrophil activation involved in immune response	221	5.08E-33
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0018027	peptidyl-lysine dimethylation	5	4.03E-02

3.2 EPİGENOMİK ÇALIŞMALARIN SONUÇLARI

3.2.1 Metilasyon Analizi ve DMG Tespiti Sonuçları

Epigenetik veri seti olarak literatürde iki adet metilomik veri seti mevcuttur (Tablo 7). Metilomik verilerden sadece (Hao ve diğerleri, 2017)'nin verisine erişilebilmektedir. Bu veri setinde AS ve sağlıklı grup arasında metilasyon seviyesi istatistiksel olarak anlamlı ölçüde değişen (t-test: Adj-P değeri<0,05) ve bu değişikliğin belli bir seviyenin üzerinde olduğu ($|\Delta\beta|>0,20$) bölgelerin 1132 gende yoğunlaştığı tespit edilmiştir. Bu genlerden 969 tanesi hiper-DMG (AS hastalarında metilasyon seviyeleri artmış genler), 138 tanesi hipo-DMG (AS hastalarında metilasyon seviyesi azalmış genler) ve 25 tanesi ise hibrit-DMG (bazı bölgelerinin AS hastalarındaki metilasyon seviyesi artarken aynı genin başka bölgelerinde azalmış genler) olarak tespit edilmiştir.

3.3 İNTERAKTOMİK-REGÜLOMİK ÇALIŞMALARIN SONUÇLARI

3.3.1 Regülomik Analiz Sonuçları

Metilasyon seviyesi AS hastalarında kontrol grubuna nazaran anlamlı ölçüde değişiklik gösteren genlerin promotörlerine bağlanarak onların ekspresyonunu düzenleyen transkripsiyon faktörleri (TF) incelenmiştir. Bu amaçla, en başta tespit edilen metilasyon seviyesi değişen bölgelerin, herhangi bir gene ait promotör bölgede olup olmadığı araştırılmıştır. Buna göre bulunmuş olan hiper veya hipo metile olmuş promotörlerin (DMP) sayısı ve bu promotörlerin ait olduğu genlerin tiplerine göre dağılımları Tablo 14'te verilmiştir.

Tablo 14. DMP'lerin Ait Oldukları Genlere Göre Dağılımı

		HİPERMETİLE	HİPOMETİLE
PROTEİN KODLAYAN GENLER		220	42
Kodlama Yapmayan Genler	Mikro RNA (miRNA)	6	1
	Uzun Kodlama Yapmayan RNA (lncRNA)	8	1
	Küçük Çekirdekçik RNA (snoRNA)	7	0
	Yalancı Gen (Pseudogene)	3	2
Bilinmeyen		1	0
TOPLAM		245	46

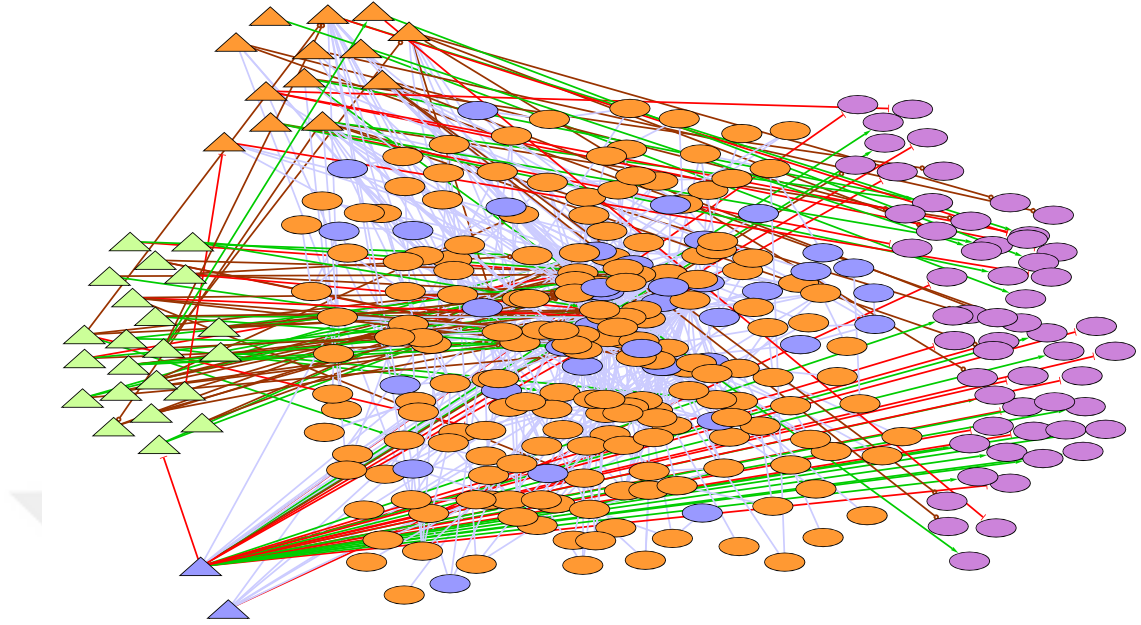
TF tespiti için TRRUST aracı kullanılmıştır. Tespit edilen 18 TF'in hiper-DMG'leri düzenlediği, 4 TF'in ise hipo-DMG'leri düzenlediği tespit edilmiştir. Yani toplam 22 anahtar TF'in çalışmadan tespit edilen DMG'lerin düzenlenmesinde rol aldığı tespit edilmiştir. Ayrıca tespit edilen 1132 genden 15 tanesinin ürününün de TF olarak rol aldığı tespit edilmiştir. Bu DMG-TF'lerin düzenlediği genler de araştırılmış ve 60 hedef gen tespit edilmiştir. Bu bilgiler toplu halde Tablo 15'te verilmiştir.

Tablo 15. TF'lerin Dağılımları

	Gen Sayısı	
	Hiper	Hipo
Metilasyon Seviyesi Değişen TF'ler	13	2
Metilasyon Seviyesi Değişen TF'lerin Hedefleri	29	31
Tüm DMP/DMG'leri düzenleyen TF'ler (Anahtar TF'ler)	18	4

3.3.2 İnteraktomik Çalışmaların Sonuçları

String veritabanı kullanılarak, 262 protein kodlayan DMP'nin ürünleri arasındaki protein-protein etkileşimleri ile Anahtar-TF -> DMG ve DMG-TF -> hedef gen etkileşimleri birleştirilerek Şekil 20'de verilmiş olan AS'in bağlama özel biyolojik etkileşim ağı (AS-BEA) kurulmuş ve bu ağ Cytoscape programı ile görselleştirilmiştir.



Şekil 20. AS Bağlama Özel Biyolojik Etkileşim Ağı (AS-BEA)

Şekil 20’de verilen ağda toplam 316 düğüm ve 828 kenar bulunmaktadır. Bu ağda, üçgen şekilli düğümler TF’leri temsil etmektedir. Turuncu üçgenler hipermetile TF’leri, lila üçgenler hipometile TF’leri, yeşil üçgenler ise anahtar TF’leri göstermektedir. Turuncu ve mavi elipsler TF olmayan DMP’leri gösterirken lila elipsler de hiper ve hipo-metile TF’lerin hedeflerini göstermektedir. Gri kenarlar genel olarak etkileşimleri gösterirken TF’ler ve hedefleri arasındaki etkileşimlerden; aktivasyon tipinde olanlar yeşil ile, represyon tipinde olanlar kırmızı ile, etkisi bilinmeyen etkileşimler ise kahverengi ile gösterilmiştir.

3.4 VERİ ENTEGRASYONU ÇALIŞMALARININ SONUÇLARI

Bu etkileşim ağı kurulduktan sonra, GSE25101 ve GSE73754 transkriptomik verileri bu ağ üzerine Cytoscape altında jActiveModules aracı kullanılarak haritalanmış ve böylece bu ağdaki hem ekspresyon seviyesi hem de promotördeki metilasyon seviyesi değişen, diğer bir deyişle, epigenetik regülasyona bağlı olmak kaydıyla

transkriptomik olarak aktif olan gen öbekleri tespit edilmiştir. jActiveModules ile bulunan modüllere ilişkin bilgiler Tablo 16’da verilmiştir.

Tablo 16. AS-BEA Modülleri

Modül Numarası	GSE25101 Düğüm (Gen) Sayısı	GSE73754 Düğüm (Gen) Sayısı
Modül 1	7	2
Modül 2	15	2
Modül 3	14	19
Modül 4	9	13
Modül 5	2	33

Bulunan modüllerdeki genlerle GO biyolojik proses terimi-KEGG metabolik yolağı zenginleştirme analizi yapılmıştır. Elde edilen sonuçlar, Adj-P<0,05 anlamlılık düzeyinde, Tablo 17 ve Tablo 18’de verilmiştir.

Tablo 17. AS-BEA Üzerine GSE25101 Haritalanması Sonrası GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Modül 2	GO Biyolojik Proses	GO:0045321	leukocyte activation	8	0.002787521
	GO Biyolojik Proses	GO:0001775	cell activation	8	0.006655639
	GO Biyolojik Proses	GO:0070228	regulation of lymphocyte apoptotic process	3	0.017710296
	GO Biyolojik Proses	GO:0070227	lymphocyte apoptotic process	3	0.041086801
Modül 4	GO Biyolojik Proses	GO:0035994	response to muscle stretch	2	0.025730382
Modül 5	GO Biyolojik Proses	GO:0050868	negative regulation of T cell activation	2	0.021675964
	GO Biyolojik Proses	GO:1903038	negative regulation of leukocyte cell-cell adhesion	2	0.028736136
	GO Biyolojik Proses	GO:0051250	negative regulation of lymphocyte activation	2	0.035452244

Tablo 18. AS-BEA Üzerine GSE73754 Haritalanması Sonrası GO-KEGG Zenginleşim Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Modül 1	GO Biyolojik Proses	GO:0061418	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to hypoxia	2	0.008265768
	GO Biyolojik Proses	GO:0043618	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to stress	2	0.016804033
	GO Biyolojik Proses	GO:0043620	regulation of DNA-templated transcription in response to stress	2	0.018678488
Modül 2	GO Biyolojik Proses	GO:0038118	C-C chemokine receptor CCR7 signaling pathway	2	0.04979554
	GO Biyolojik Proses	GO:1903080	regulation of C-C chemokine receptor CCR7 signaling pathway	2	0.04979554
	GO Biyolojik Proses	GO:1903082	positive regulation of C-C chemokine receptor CCR7 signaling pathway	2	0.04979554
	GO Biyolojik Proses	GO:1905291	positive regulation of CAMKK-AMPK signaling cascade	2	0.04979554
	GO Biyolojik Proses	GO:2000350	positive regulation of CD40 signaling pathway	2	0.04979554
Modül 3	GO Biyolojik Proses	GO:0009635	response to herbicide	2	0.031573243
Modül 4	GO Biyolojik Proses	GO:0071383	cellular response to steroid hormone stimulus	4	0.018617824
	GO Biyolojik Proses	GO:0071394	cellular response to testosterone stimulus	2	0.039573954
Modül 5	GO Biyolojik Proses	GO:0065008	regulation of biological quality	20	0.003877226
	GO Biyolojik Proses	GO:0033993	response to lipid	10	0.005184874
	GO Biyolojik Proses	GO:0010033	response to organic substance	17	0.029892131
	GO Biyolojik Proses	GO:0042904	9-cis-retinoic acid biosynthetic process	2	0.031284196
	GO Biyolojik Proses	GO:0042905	9-cis-retinoic acid metabolic process	2	0.031284196
	GO Biyolojik Proses	GO:0071310	cellular response to organic substance	15	0.049900561

BÖLÜM IV: SONUÇ VE TARTIŞMA

Ankilozan spondilit (AS), aksiyal spondiloartropatiler grubuna mensup; kronik, otoimmün bir inflamatuvar artrit hastalığıdır. Ankilozan spondilit (AS) oluşumunda en önemli genetik risk faktörü, MHC Tip I ailesi üyesi HLA-B27'dir. AS hastalarının %80-90'ında HLA-B27 pozitifliği görülür. Fakat HLA-B27 de tek başına hastalık patogenezi ve moleküler mekanizmasını açıklamamaktadır (Pedersen ve Maksymowych, 2019). Bu gerçekten hareketle, AS'nin erken teşhis ve tedavisinde kullanılmak amacıyla yeni biyobelirteçlerin tayini için yapılan bu çalışmanın bulgularının tartışılması gerekmektedir.

jActiveModules ile yapılan analiz sonucunda tespit edilen modüllerden elde edilen genlerden bazıları dikkate değer bulunmuştur. Özellikle interlökin 21 reseptörü (IL21R) geninin promotörünün hipermetile oluşu ve gen anlatım seviyesinin de hasta bireylerde, sağlıklı bireylere nazaran daha düşük olması dikkat çekicidir. IL21R, özellikle CD4+ T hücrelerinde eksprese edilir. Ayrıca, foliküler T yardımcı hücreleri (Tfh), Th17 hücreleri ve doğal öldürücü T hücreleri (NKT) de bu reseptörü hücre yüzeyinde taşırlar. IL21'in reseptörüne bağlanması sonucunda JAK/STAT yoluyla açılır ve immün sistem hücrelerinin kaderini tayin eden transkripsiyonel değişiklikler indüklenir (Cagdas ve diğerleri, 2021). Bu noktada özellikle Tfh hücreleri, otoimmün hastalıklarla ilişkisi göz önünde bulundurulduğunda AS için önem taşımaktadır. Tfh hücreleri, otoimmün hastalıklarda görülen ve hücre/doku degradasyonuna yol açan otoantikorların üretimini indükler fakat AS patogenezi otoantikorların rolü tam olarak aydınlatılabilmemiş değildir (Deng, Wei, Fonseca, Graca, ve Yu, 2019). Çin'de Xiao ve diğerleri, (2013) tarafından 26 AS hastasından alınan kan örnekleri ile yapılan bir çalışmada, hem Tfh hücrelerinin sayısında hem de serum IL21 seviyesinde sağlıklı gruba göre artış olduğu ve hastalığın derecesini ölçen Bath Ankilozan Spondilit Hastalık Aktivite İndeksi'nde (Bath AS Disease Activity Index,

BASDAI) artış gözlemlendiği raporlanmıştır. Buna karşın Bautista-Caro ve diğerleri, (2014) tarafından İspanya’da 50 AS hastası ile yapılan diğer bir çalışmada ise, Tfh ve serum IL21 seviyelerinde düşüş olduğu bildirilmiştir. Bu iki çalışmanın, neden birbiri ile tam tersi yönde sonuç verdiği günümüzde de hala bilinmezliğini korumaktadır. Bu çalışma kapsamında yapılan analizlerin sonucu da ikinci çalışmadakilerle paralellik taşımaktadır. Yapılan analizler, IL21R’nin promotör düzeyinde hipermetile olduğunu ve ekspresyonunun AS hastalarında düştüğünü göstermiştir. Bunun bir nedeninin IL21R genini kontrol eden bir TF olan ve TRRUST veri bankası bilgisi bulunmayan NR4A2 ile ilişkili olduğu varsayımında bulunulabilir. Zira, Duan, Leo, Bradbury, Brown ve Thomas, (2010) tarafından yapılan bir çalışmada, AS hastalarından alınan PBMC örneklerinin immünsüpresif profile sahip olduğu dile getirilmiştir. Gerçekten de AS hastalarından alınan PBMC örneklerinde NR4A2 genindeki ekspresyon seviyesinin düşük olduğu, yapılan qPCR analizi ile doğrulanmıştır (Kenna, Davidson ve Thomas, 2011). Sonuç olarak, IL21R gen ekspresyonundaki düşüklük hem promotörünün hipermetile olması ile hem de ekspresyonu kontrol eden TF ekspresyonunun düşüklüğü ile açıklanabilir.

jActiveModules tarafından üretilen modüllerin biri hariç diğerlerinin tamamında bulunan HIF3A ve TREM2 genleri göze çarpmaktadır. Hipoksi ile uyarılabilir faktör (Hypoxia Inducible Factor, HIF) ailesi genleri, hücrelerin hipoksiye karşı cevap vermesinde kilit rol oynamaktadırlar. Buna karşın, HIF3A’nın düşük ekspresyonunun hipoksi adaptasyonunda negatif rol oynadığı ve hücrelerin apoptoz başta olmak üzere hücre ölüm mekanizmalarına direnç göstermesinde etkili olduğu gösterilmiştir (Soleimani, Yari ve Moradi, 2022). AS oluşum hipotezlerinden olan HLA-B27’nin yanlış katlanması hipotezi bağlamında HIF3A’nın düşük ekspresyon seviyesi AS için bir anlam ifade edebilir. Bu hipoteze göre; endoplazmik retikulumda yanlış katlanan HLA-B27, ER stresine neden olmakta ve hücreyi immün sistem hücrelerince yok edilecek bir duruma sürüklemektedir (bkz. 3.2.1.2 HLA-B27’nin Yanlış Katlanması Hipotezi). Çalışmada, HIF3A gen promotörünün hipermetile olduğu, diğer bir deyişle, ekspresyonunun baskılandığı bulunmuştur. Bu bağlamda, normalde, ER stresi sonrası apoptoza gitmesi gereken hücrelerin, düşük HIF3A ekspresyonu nedeniyle, apoptozdan kaçarak immün sistem hücrelerince hedef haline

geldiği yorumu yapılabilir. Literatürde bu konuda pek az sayıda çalışma bulunması, bu gen özelinde ileri analizler yapılmasına ihtiyaç olduğunu göstergesidir.

Myeloid hücrelerdeki tetikleyici reseptör 2 (Triggering receptor expressed on myeloid cells 2, TREM2) geni, myeloid doku kökenli hücre yüzeylerinde bulunan bir transmembran reseptör proteini kodlamaktadır. Bu reseptör bağırsakta dendritik hücrelerde eksprese edilirken, diğer dokularda makrofaj ve monositlerde de eksprese edilir (Genua, Rutella, Correale ve Danese, 2014). TREM2, osteoklast farklılaşmasını indüklemektedir. TREM2 mutasyonlu osteoklast öncü hücrelerinin olgun osteoklastlara dönüşemedikleri ve dejenere kemik dokunun eliminasyonunda bozulma olduğu gösterilmiştir. Bunun yanında AS hastalarında kemik dejenerasyonu ve anormal kemik formasyonu olduğu da bilinmektedir (Feng ve diğerleri, 2018; Shaw ve Gravallesse, 2016). Çalışmada, TREM2 gen promotörünün hipermetile olduğu bulunmuştur. Bu bağlamda, verilen bilgilerden hareketle, özellikle radyografik kemik hasarı henüz oluşmadan yapılacak TREM2 mutasyon veya ekspresyon analizlerinin, AS'in erken teşhisi noktasında önemli bir gösterge olabileceği düşünülebilir.

Çalışma sonuçlarından tartışılması gereken bir diğer nokta miRNA'lardır. miRNA'ların gen anlatımının düzenlenmesindeki ve SpA oluşumundaki rolleri daha önceden anlatılmıştır (bkz. 1.2.2.3 Kodlama Yapmayan RNA'lar). Bu noktada özellikle promotörü diferansiyel metile olduğu tespit edilen miR-145 ve miR-21 dikkat çekicidir. miR-145 geninin ekspresyonunun promotör hipermetilasyonu ile baskılandığı bulunmuştur. miR-145 aslında tümör süpresör mekanizmalarda rol oynar. Özellikle hücre büyümesinde, tümörlerin dokuya invaze olmasında ve metastaz süreçlerinde etkin rol oynamaktadır. Ayrıca, miR-145'in osteoblastların kontrolünde ve çoğalmasında rol oynadığı bilinmektedir (Prajzlerová ve diğerleri, 2021). Bu noktada miR-145'in AS patogenezinde nasıl bir rolü olduğuna dair şöyle bir varsayımda bulunulabilir. Vasküler endotelial büyüme faktörü (vascular endotelial growth factor, VEGF) miR-145'in doğrudan hedefidir. Kanseri metastazı ve anjiyogenez bağlamında bu normal bir etkileşim olarak değerlendirilebilir. Fakat, VEGF'nin osteogeneizde önemli rol oynadığı gerçeğinden hareketle, AS'teki anormal kemik oluşumları VEGF ile ilişkilendirilebilir. Ekspresyon seviyesi düşmüş miR-145'in, VEGF baskılamasını tam anlamıyla yapamayacağı ve bunun da anormal

osteogenez ile ilişkili olduğu değerlendirilebilir. Gerçekten de, Pedersen ve diğerleri, (2010) tarafından yapılan çalışmada, AS hastalarında VEGF seviyesinin yüksek olduğu, alınan anti-TNF- α tedavisinden sonra ise VEGF seviyesinde düşüş olduğu gösterilmiştir. Bu bağlamda, miR-145'in ekspresyon seviyesi özellikle radyografik hasar oluşmadan önce teşhis konması noktasında önemli bir araç olabilir.

Promotörü hipometile olmak suretiyle ekspresyonu artan tek miRNA olarak miR-21 dikkat çekmektedir. Birçok memeli hücre tipinde anlatımı yapılan miR-21, hücre bölünmesinde, farklılaşmada, apoptozda, inflamasyonda ve immün cevapta önemli rol oynamaktadır. Kemik metabolizmasındaki osteoklastogenez süreçlerinde, özellikle osteoklast aktivasyonunda, kritik bir yeri vardır. Bunun yanında, osteogenezde ve kemik dokunun farklılaşmasında da gerekli olduğu gösterilmiştir (Li, Wong, Shen, Chan ve Wu, 2016; Zou, Yan, Gao, Wang ve Liu, 2020). miR-21'in, AS patogenezine ilişkin rolünü ortaya koyan literatürde sadece bir çalışma vardır. Huang ve diğerleri (2014), tarafından 122 AS hastası ile yapılan çalışmada, osteoklastların aktive olabilmesi için, bir tümör süpresör olan programlı hücre ölümü 4 (programmed cell death 4, PDCD4) geninin ekspresyonunun baskılanması gerektiği ve bu baskılamanın miR-21 bağımlı oldu gösterilmiştir. Ayrıca, ekspresyonu artan miR-21 ile birlikte; artmış serum C-telopeptit (CTX) seviyesi gibi osteoklast, diğer bir deyişle kemik dejenerasyonu, faaliyetlerinin arttığına dair bulgular da ortaya konmuştur. Bu bağlamda, miR-21'in AS patogenezindeki rolünün daha iyi aydınlatılması için daha fazla çalışma yapılması gerektiği açık olmakla birlikte, artan miR-21 ekspresyonunu baskılamak suretiyle osteoklastik aktiviteyi azaltmak gibi bir tedavi yöntemi benimsenebilir. Böylesi bir yaklaşımla ilgili literatürde henüz bir çalışma olmaması, bu konunun ileri araştırmaların konusu yapılabileceğini göstermektedir.

Sonuç olarak, tüm bu anlatılanlar ışığında, AS gibi birçok farklı sistem ve mekanizmanın dahil olduğu karmaşık bir hastalıkta gerek erken teşhis gerek yeni tedavi olanakları açısından bütüncül bir bakış açısına sahip olunması gerektiği açıktır. Tam bir hücresel ve dahi sistemsel bir kavrama düzeyine sahip olabilmek için, mümkün olduğunca farklı seviyedeki bilginin birbiri ile entegre bir şekilde değerlendirilmesi şarttır. Bu bağlamda, ileride yapılacak çalışmalarda, gelişen teknolojilerin de etkisiyle, farklı -omik ve analiz düzeylerindeki bilginin bu çalışma

bulgularına eklenmesi; hastalığın moleküler mekanizmasının anlaşılmasıyla teşhis ve tedavide yeni yöntemlerin keşfine imkân verecektir.



KAYNAKÇA

- Abbas, A. K., Lichtman, A. H. ve Pillai, S. (2021). Antigen Presentation to T Lymphocytes and the Function of Major Histocompatibility Complex Molecules. *Cellular and Molecular Immunology*, pp. 359–445. Elsevier Inc.
- Afgan, E., Baker, D., Batut, B., Van Den Beek, M., Bouvier, ... Blankenberg, D. (2018). The Galaxy Platform for Accessible, Reproducible and Collaborative Biomedical Analyses: 2018 update. *Nucleic Acids Research*, 46 (1), 537–544. <https://doi.org/10.1093/NAR/GKY379>
- Ambros, V. (2004). The Functions of Animal Micrnas. *Nature* 2004, 431(7006), 350–355. <https://doi.org/10.1038/nature02871>
- Andrews, S. (2010). *FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data*.
- Annese, V. (2020). Genetics and Epigenetics of IBD. *Pharmacological Research*, 159, 104892. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.phrs.2020.104892>
- Armstrong, L. (2015). Introduction to The Study of Epigenetics. In *Epigenetics* (1st ed., pp. 1–5). Garland Science.
- Aslani, S., Mahmoudi, M., Garshasbi, M., Jamshidi, A. R., Karami, J. ve Nicknam, M. H. (2016). Evaluation of DNMT1 Gene Expression Profile And Methylation of Its Promoter Region in Patients with Ankylosing Spondylitis. *Clinical Rheumatology*, 35 (11), 2723–2731. <https://doi.org/10.1007/s10067-016-3403-x>
- Ball, E. J. ve Khan, M. A. (2001). HLA-B27 Polymorphism. *Joint Bone Spine*, 68 (5), 378–382. [https://doi.org/10.1016/S1297-319X\(01\)00294-9](https://doi.org/10.1016/S1297-319X(01)00294-9)
- Bautista-Caro, M. B., Arroyo-Villa, I., Castillo-Gallego, C., De Miguel, E., Peiteado, D., ... Miranda-Carús, M. E. (2014). Decreased frequencies of Circulating Follicular Helper T Cell Counterparts and Plasmablasts in Ankylosing Spondylitis Patients Naïve for TNF blockers. *PloS One*, 9 (9). <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0107086>
- Berlinberg, A. J., Regner, E. H., Stahly, A., Brar, A., Reisz, J. A., ... Kuhn, K. A. (2021). Multi ‘Omics Analysis of Intestinal Tissue in Ankylosing Spondylitis Identifies Alterations in the Tryptophan Metabolism Pathway . In *Frontiers in Immunology* 12, 90. <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fimmu.2021.587119>
- Blank, M., Barzilai, O. ve Shoenfeld, Y. (2007). Molecular Mimicry and Autoimmunity. *Clinical Reviews in Allergy & Immunology*, 32 (1), 111–118.

<https://doi.org/10.1007/BF02686087>

- Bolger, A. M., Lohse, M. ve Usadel, B. (2014). Trimmomatic: A Flexible Trimmer for Illumina Sequence Data. *Bioinformatics*, 30 (15), 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTU170>
- Bowness, P. (2015). HLA-B27. *Annual Review of Immunology*, 33 (1), 29–48. <https://doi.org/10.1146/annurev-immunol-032414-112110>
- Boyle, E. I., Weng, S., Gollub, J., Jin, H., Botstein, D.,... Sherlock, G. (2004). GO::TermFinder—Open Source Software for Accessing Gene Ontology Information and Finding Significantly Enriched Gene Ontology Terms Associated with a List of Genes. *Bioinformatics*, 20 (18), 3710–3715. <https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTH456>
- Breban, M., Tap, J., Leboime, A., Said-Nahal, R., Langella, P.,... Sokol, H. (2017). Faecal Microbiota Study Reveals Specific Dysbiosis in Spondyloarthritis. *Annals of the Rheumatic Diseases*, 76 (9), 1614–1622. <https://doi.org/10.1136/ANNRHEUMDIS-2016-211064>
- Brown, M. A., Kennedy, L. G., MacGregor, A. J., Darke, C., Duncan, E.,... Wordsworth, P. (1997). Susceptibility to Ankylosing Spondylitis in Twins the Role of Genes, HLA, and the Environment. *Arthritis & Rheumatism*, 40 (10), 1823–1828. <https://doi.org/10.1002/ART.1780401015>
- Cagdas, D., Mayr, D., Baris, S., Worley, L., Langley, D. B., ... Tangye, S. G. (2021). Genomic Spectrum and Phenotypic Heterogeneity of Human IL-21 Receptor Deficiency. *Journal of Clinical Immunology*, 41 (6), 1. <https://doi.org/10.1007/S10875-021-01031-5>
- Campbell, N. A. ve Reece, J. B. (2008). Ökaryotik Genomların Organizasyonu ve Kontrolü. *Biyoloji*. In E. Gündüz, A. Demirsoy, ve İ. Türkan (Editörler), 2nd ed., ss. 354–374. Ankara: Palme Yayıncılık.
- Cauli, A., Piga, M., Dessole, G., Porru, G., Floris, A.,... Mathieu, A. (2014). Killer-Cell Immunoglobulin-Like Receptors (KIR) and HLA-Class I Heavy Chains in Ankylosing Spondylitis. *Drug Development Research*, 75, 15–19. <https://doi.org/10.1002/DDR.21187>
- Chang, S. C., Momburg, F., Bhutani, N. ve Goldberg, A. L. (2005). The ER Aminopeptidase, ERAP1, Trims Precursors to Lengths of Mhc Class I Peptides by a “Molecular Ruler” Mechanism. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102 (47), 17107–17112. <https://doi.org/10.1073/pnas.0500721102>
- Chen, L., Al-Mossawi, M. H., Ridley, A., Sekine, T., Hammitzsch, A.,... Bowness, P. (2017). MiR-10b-5p is A Novel Th17 Regulator Present in Th17 Cells from Ankylosing Spondylitis. *Annals of the Rheumatic Diseases*, 76 (3), 620–624. <https://doi.org/10.1136/annrheumdis-2016-210175>
- Chen, M., Wu, M., Hu, X., Yang, J., Han, R.,... Pan, F. (2019). Ankylosing Spondylitis is Associated with Aberrant DNA Methylation of IFN Regulatory Factor 8 Gene Promoter Region. *Clinical Rheumatology*, 38 (8), 2161–2169. <https://doi.org/10.1007/s10067-019-04505-5>

- Cherqaoui, B., Crémazy, F., Hue, C., Garchon, H.-J., Breban, M. ve Costantino, F. (2020). Epigenetics of Spondyloarthritis. *Joint Bone Spine*, 87 (6), 565–571. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jbspin.2020.06.003>
- Coit, P., Kaushik, P., Caplan, L., Kerr, G. S., Walsh, J. A.,... Sawalha, A. H. (2019). Genome-Wide DNA Methylation Analysis in Ankylosing Spondylitis Identifies HLA-B*27 Dependent and Independent DNA Methylation Changes in Whole Blood. *Journal of Autoimmunity*, 102, 126–132. <https://doi.org/10.1016/j.jaut.2019.04.022>
- Cortes, A., Hadler, J., Pointon, J. P., Robinson, P. C., Karaderi, T.,... Brown, M. A. (2013). Identification of Multiple Risk Variants for Ankylosing Spondylitis Through High-Density Genotyping of Immune-Related Loci. *Nature Genetics*, 45 (7), 730–738. <https://doi.org/10.1038/ng.2667>
- Costello, M. E., Ciccia, F., Willner, D., Warrington, N., Robinson, P. C.,... Brown, M. A. (2015). Brief Report: Intestinal Dysbiosis in Ankylosing Spondylitis. *Arthritis and Rheumatology*, 67 (3), 686–691. <https://doi.org/10.1002/ART.38967/ABSTRACT>
- Dakwar, E., Reddy, J., Vale, F. L. ve Uribe, J. S. (2008). A Review of The Pathogenesis of Ankylosing Spondylitis. *Neurosurgical Focus*, 24 (1), 1–5. <https://doi.org/10.3171/FOC/2008/24/1/E2>
- De Vos, M., Mielants, H., Cuvelier, C., Elewaut, A. ve Veys, E. (1996). Long-Term Evolution of Gut İnflammation in Patients With Spondyloarthropathy. *Gastroenterology*, 110 (6), 1696–1703. <https://doi.org/10.1053/GAST.1996.V110.PM8964393>
- Deng, J., Wei, Y., Fonseca, V. R., Graca, L. ve Yu, D. (2019). T Follicular Helper Cells and T Follicular Regulatory Cells in Rheumatic Diseases. *Nature Reviews Rheumatology*, 15 (8), 475–490. <https://doi.org/10.1038/s41584-019-0254-2>
- Díaz-Peña, R., Castro-Santos, P., Durán, J., Santiago, C. ve Lucia, A. (2020). The Genetics of Spondyloarthritis. *Journal of Personalized Medicine*, 10 (4), 1–19. <https://doi.org/10.3390/jpm10040151>
- Ding, M., Guan, T. J., Wei, C. Y. ve Chen, B. H. (2018). Identification of Pathways Significantly Associated with Spondyloarthropathy/Ankylosing Spondylitis Using The Sub-Pathway Method. *Molecular Medicine Reports*, 18 (4), 3825–3833. <https://doi.org/10.3892/mmr.2018.9395>
- Dinger, M. E., Pang, K. C., Mercer, T. R. ve Mattick, J. S. (2008). Differentiating Protein-Coding and Noncoding RNA: Challenges and Ambiguities. *PLOS Computational Biology*, 4 (11), e1000176. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PCBI.1000176>
- Dobin, A., Davis, C. A., Schlesinger, F., Drenkow, J., Zaleski, C.,... Gingeras, T. R. (2013). STAR: Ultrafast Universal RNA-Seq Aligner. *Bioinformatics*, 29 (1), 15–21. <https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTS635>
- Duan, R., Leo, P., Bradbury, L., Brown, M. A. ve Thomas, G. (2010). Gene Expression Profiling Reveals A Downregulation in Immune-Associated

- Genes in Patients with AS. *Annals of the Rheumatic Diseases*, 69 (9), 1724–1729. <https://doi.org/10.1136/ARD.2009.111690>
- Duba, A. S. ve Mathew, S. D. (2018). The Seronegative Spondyloarthropathies. *Primary Care - Clinics in Office Practice*, 45 (2), 271–287. <https://doi.org/10.1016/j.pop.2018.02.005>
- Dumas, E., Venken, K., Rosenbaum, J. T. ve Elewaut, D. (2020). Intestinal Microbiota, HLA-B27, and Spondyloarthritis: Dangerous Liaisons. *Rheumatic Disease Clinics of North America*, 46 (2), 213–224. <https://doi.org/10.1016/j.rdc.2020.01.007>
- Ellinghaus, D., Jostins, L., Spain, S. L., Cortes, A., Bethune, J.,... Franke, A. (2016). Analysis of Five Chronic Inflammatory Diseases Identifies 27 New Associations and Highlights Disease-Specific Patterns at Shared Loci. *Nature Genetics*, 48 (5), 510–518. <https://doi.org/10.1038/ng.3528>
- Ewing, B., Hillier, L. D., Wendl, M. C. ve Green, P. (1998). Base-Calling of Automated Sequencer Traces Using phred. I. Accuracy assessment. *Genome Research*, 8 (3), 175–185. <https://doi.org/10.1101/GR.8.3.175>
- Fan, X., Qi, B., Ma, L. ve Ma, F. (2019). Screening of Underlying Genetic Biomarkers for Ankylosing Spondylitis. *Molecular Medicine Reports*, 19 (6), 5263–5274. <https://doi.org/10.3892/mmr.2019.10188>
- Feng, Y., Hong, Y., Zhang, X., Cao, C., Yang, X.,... Zeng, C. (2018). Genetic Variants of TREML2 are Associated with HLA-B27-Positive Ankylosing Spondylitis. *Gene*, 668, 121–128. <https://doi.org/10.1016/J.GENE.2018.05.057>
- Fogel, O., Bugge Tinggaard, A., Fagny, M., Sigrist, N., Roche, E.,... Tost, J. (2019). Deregulation of MicroRNA Expression in Monocytes and CD4+ T Lymphocytes from Patients with Axial Spondyloarthritis. *Arthritis Research and Therapy*, 21 (1), 1–14. <https://doi.org/10.1186/S13075-019-1829-7/FIGURES/3>
- Frankish, A., Diekhans, M., Ferreira, A. M., Johnson, R., Jungreis, I.,... Flicek, P. (2019). GENCODE Reference Annotation for the Human and Mouse Genomes. *Nucleic Acids Research*, 47 (1), 766–773. <https://doi.org/10.1093/NAR/GKY955>
- Gao, P., Fu, S., Liu, Y. ve Zi, X. (2018). A Differential Expression Network Method Identifies Ankylosing Spondylitis-Related Genes. *Journal of Cancer Research and Therapeutics*, 14 (4), 833–837. <https://doi.org/10.4103/0973-1482.188294>
- Genua, M., Rutella, S., Correale, C. ve Danese, S. (2014). The Triggering Receptor Expressed on Myeloid Cells (TREM) in Inflammatory Bowel Disease Pathogenesis. *Journal of Translational Medicine*, 12 (1), 1–12. <https://doi.org/10.1186/S12967-014-0293-Z>
- Gillard, G. B., Grønvold, L., Røsæg, L. L., Holen, M. M., Monsen, Ø.,... Hvidsten, T. R. (2021). Comparative Regulomics Supports Pervasive Selection on Gene Dosage Following Whole Genome Duplication. *Genome Biology*, 22

- (1), 1–18. <https://doi.org/10.1186/S13059-021-02323-0/FIGURES/3>
- Goel, A., Ward, D. G., Gordon, N. S., Abbotts, B., Zeegers, M. P.,... Arnold, R. (2020). Back-Splicing Transcript Isoforms (Circular RNAs) Affect Biologically Relevant Pathways and Offer an Additional Layer of Information to Stratify NMIBC Patients. *Frontiers in Oncology*, 10, 812. <https://doi.org/10.3389/FONC.2020.00812/BIBTEX>
- Gracey, E., Yao, Y., Green, B., Qaiyum, Z., Baglaenko, Y.,... Inman, R. D. (2016). Sexual Dimorphism in the Th17 Signature of Ankylosing Spondylitis. *Arthritis and Rheumatology*, 68 (3), 679–689. <https://doi.org/10.1002/art.39464>
- Gu, X., Liu, C. J. ve Wei, J. J. (2018). Predicting Pathway Cross-Talks in Ankylosing Spondylitis Through Investigating the Interactions Among Pathways. *Brazilian Journal of Medical and Biological Research*, 51 (1), 1–8. <https://doi.org/10.1590/1414-431x20176698>
- Han, H., Cho, J. W., Lee, S., Yun, A., Kim, H.,... Lee, I. (2018). TRRUST v2: An Expanded Reference Database of Human and Mouse Transcriptional Regulatory Interactions. *Nucleic Acids Research*, 46 (1), 380–386. <https://doi.org/10.1093/NAR/GKX1013>
- Hao, J., Liu, Y., Xu, J., Wang, W., Wen, Y.,... Zhang, F. (2017). Genome-Wide DNA Methylation Profile Analysis Identifies Differentially Methylated Loci Associated with Ankylosis Spondylitis. *Arthritis Research and Therapy*, 19 (177). <https://doi.org/10.1186/s13075-017-1382-1>
- Harvard Chan Bioinformatics Core. (n.d.). Counting reads Introduction to RNA-Seq using high-performance computing- ARCHIVED. https://hbctraining.github.io/Intro-to-rnaseq-hpc-O2/lessons/05_counting_reads.html adresinden edinilmiştir.
- Hong, M., Tao, S., Zhang, L., Diao, L. T., Huang, X.,... Zhang, H. (2020). RNA Sequencing: New Technologies and Applications in Cancer Research. *Journal of Hematology & Oncology*, 13 (1), 1–16. <https://doi.org/10.1186/S13045-020-01005-X>
- Huang, C. H., Wei, J. C. C., Chang, W. C., Chiou, S. Y., Chou, C. H.,... Wong, R. H. (2014). Higher Expression of Whole Blood MicroRNA-21 in Patients with Ankylosing Spondylitis Associated with Programmed Cell Death 4 mRNA Expression and Collagen Cross-linked C-telopeptide Concentration. *The Journal of Rheumatology*, 41 (6), 1104–1111. <https://doi.org/10.3899/JRHEUM.130515>
- Ideker, T., Ozier, O., Schwikowski, B. ve Siegel, A. F. (2002). Discovering Regulatory and Signalling Circuits in Molecular Interaction Networks. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 18 (1). https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/18.SUPPL_1.S233
- Karami, J., Mahmoudi, M., Amirzargar, A., Gharshasbi, M., Jamshidi, A.,... Nicknam, M. H. (2017). Promoter Hypermethylation of BCL11B Gene Correlates with Downregulation of Gene Transcription in Ankylosing spondylitis patients. *Genes & Immunity*, 18 (3), 170–175.

<https://doi.org/10.1038/gene.2017.17>

- Kato, M., Yasuda, S. ve Atsumi, T. (2018). The Role of Genetics and Epigenetics in Rheumatic Diseases: are They Really A Target To Be Aimed at? *Rheumatology International*, 38 (8), 1333–1338. <https://doi.org/10.1007/S00296-018-4026-0/FIGURES/2>
- Kelmansky, D. M. (2013). Where Statistics and Molecular Microarray Experiments Biology Meet. *Methods in Molecular Biology*, 972, 15–35. https://doi.org/10.1007/978-1-60327-337-4_2
- Kenna, T. J., Robinson, P. C. ve Haroon, N. (2015). Endoplasmic Reticulum Aminopeptidases in The Pathogenesis of Ankylosing Spondylitis. *Rheumatology*, 54 (9), 1549–1556. <https://doi.org/10.1093/RHEUMATOLOGY/KEV218>
- Kook, H. Y., Jin, S. H., Park, P. R., Lee, S. J., Shin, H. J. ve Kim, T. J. (2019). Serum miR-214 as A Novel Biomarker for Ankylosing Spondylitis. *International Journal of Rheumatic Diseases*, 22 (7), 1196–1201. <https://doi.org/10.1111/1756-185X.13475>
- Lai, N. S., Yu, H. C., Chen, H. C., Yu, C. L., Huang, H. B. ve Lu, M. C. (2013). Aberrant Expression of MicroRNAs in T Cells from Patients with Ankylosing Spondylitis Contributes to the Immunopathogenesis. *Clinical and Experimental Immunology*, 173 (1), 47–57. <https://doi.org/10.1111/CEI.12089>
- Lai, N. S., Yu, H. C., Tung, C. H., Huang, K. Y., Huang, H. Bin ve Lu, M. C. (2018). Aberrant Expression of Interleukin-23-Regulated miRNAs in T Cells from Patients with Ankylosing Spondylitis. *Arthritis Research and Therapy*, 20 (1), 1–10. <https://doi.org/10.1186/s13075-018-1754-1>
- Lai, N.S., Chou, J.-L., Chen, G. C. W., Liu, S.-Q., Lu, M.-C. ve Chan, M. W. Y. (2014). Association between Cytokines and Methylation of SOCS-1 in Serum of Patients with Ankylosing Spondylitis. *Molecular Biology Reports*, 41 (6), 3773–3780. <https://doi.org/10.1007/s11033-014-3242-2>
- Langfelder, P. ve Horvath, S. (2008). WGCNA: An R Package for Weighted Correlation Network Analysis. *BMC Bioinformatics*, 9. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-9-559>
- Lanzavecchia, A. (1995). How can cryptic epitopes trigger autoimmunity? *The Journal of Experimental Medicine*, 181 (6), 1945. <https://doi.org/10.1084/JEM.181.6.1945>
- Layh-Schmitt, G., Lu, S., Navid, F., Brooks, S. R., Lazowick, E.,... Colbert, R. A. (2017). Generation and Differentiation of Induced Pluripotent Stem Cells Reveal Ankylosing Spondylitis Risk Gene Expression in Bone Progenitors. *Clinical Rheumatology*, 36 (1), 143–154. <https://doi.org/10.1007/s10067-016-3469-5>
- Li, X., Lv, Q., Tu, L., Zhao, M., Zhang, P.,... Gu, J. (2019a). Aberrant Expression of microRNAs in Peripheral Blood Mononuclear Cells as Candidate Biomarkers in Patients with Axial Spondyloarthritis. *International Journal*

- of Rheumatic Diseases*, 22 (7), 1188–1195. <https://doi.org/10.1111/1756-185X.13563>
- Li, Z., Haynes, K., Pennisi, D. J., Anderson, L. K., Song, X.,... Brown, M. A. (2017). Epigenetic and Gene Expression Analysis of Ankylosing Spondylitis-Associated Loci Implicate Immune Cells and The Gut in The Disease Pathogenesis. *Genes and Immunity*, 18 (3), 135–143. <https://doi.org/10.1038/gene.2017.11>
- Li, Zheng, Wong, S. H., Shen, J., Chan, M. T. V. ve Wu, W. K. K. (2016). The Role of MicroRNAs in Ankylosing Spondylitis. *Medicine*, 95 (14). <https://doi.org/10.1097/MD.0000000000003325>
- Li, Z., Akar, S., Yarkan, H., Lee, S. K., Çetin, P., ... Akkoc, N. (2019b). Genome-Wide Association Study in Turkish and Iranian Populations Identify Rare Familial Mediterranean Fever Gene (MEFV) Polymorphisms Associated with Ankylosing Spondylitis. *PLoS Genetics*, 15 (4). <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008038>
- Liao, Y., Smyth, G. K. ve Shi, W. (2014). Featurecounts: An Efficient General Purpose Program for Assigning Sequence Reads to Genomic Features. *Bioinformatics*, 30 (7), 923–930. <https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTT656>
- Love, M. I., Huber, W. ve Anders, S. (2014). Moderated Estimation of Fold Change and Dispersion for RNA-Seq Data with DESeq2. *Genome Biology*, 15 (12), 1–21. <https://doi.org/10.1186/S13059-014-0550-8/FIGURES/9>
- Male, D. (2021). Immune Recognition. In *Immunology: An Illustrated Outline* (6th. Ed., pp. 26–53). CRC Press.
- Manasson, J., Shen, N., Garcia Ferrer, H. R., Ubeda, C., Iraheta, I.,... Scher, J. U. (2018). Gut Microbiota Perturbations in Reactive Arthritis and Postinfectious Spondyloarthritis. *Arthritis & Rheumatology*, 70 (2), 242–254. <https://doi.org/10.1002/ART.40359>
- Microarray Learn Science at Scitable. (n.d.). <https://www.nature.com/scitable/definition/microarray-202/> adresinden edinilmiştir.
- Moll, J. M. H., Haslock, I., Macrae, I. F. ve Wright, V. (1974). Associations between Ankylosing Spondylitis, Psoriatic Arthritis, Reiter's Disease, The Intestinal Arthropathies, and Behcet's Syndrome. *Medicine (United States)*, 53 (5), 343–364. <https://doi.org/10.1097/00005792-197409000-00002>
- Multi-symbol checker HUGO Gene Nomenclature Committee. (n.d.). <https://www.genenames.org/tools/multi-symbol-checker/> adresinden edinilmiştir.
- Nancy, Z., Yan, L., Hui, S., Paul, B. ve Liye, C. (2021). From the Genetics of Ankylosing Spondylitis to New Biology and Drug Target Discovery. *Frontiers in Immunology*, 12, 282. <https://doi.org/10.3389/FIMMU.2021.624632/BIBTEX>
- Ni, Y. ve Jiang, C. (2018). Identification of Potential Target Genes for Ankylosing

Spondylitis Treatment. *Medicine*, 97 (8).
<https://doi.org/10.1097/MD.00000000000009760>

- O’Rielly, D. D., Uddin, M. ve Rahman, P. (2016). Ankylosing spondylitis: Beyond Genome-Wide Association Studies. *Current Opinion in Rheumatology*, 28 (4), 337–345. <https://doi.org/10.1097/BOR.0000000000000297>
- Panni, S., Lovering, R. C., Porras, P. ve Orchard, S. (2020). Non-coding RNA regulatory networks. *Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms*, 1863 (6), 194417. <https://doi.org/10.1016/j.bbagr.2019.194417>
- Pedersen, S. J. ve Maksymowych, W. P. (2019). The Pathogenesis of Ankylosing Spondylitis: an Update. *Current Rheumatology Reports*, 21 (10), 1–10. <https://doi.org/10.1007/S11926-019-0856-3>
- Pedersen, S. J., Hetland, M. L., Sørensen, I. J., Østergaard, M., Nielsen, H. J. ve Johansen, J. S. (2010). Circulating Levels of Interleukin-6, Vascular Endothelial Growth Factor, YKL-40, Matrix Metalloproteinase-3, and Total Aggrecan in Spondyloarthritis Patients During 3 Years of Treatment with TNF α Inhibitors. *Clinical Rheumatology*, 29 (11), 1301–1309. <https://doi.org/10.1007/S10067-010-1528-X/FIGURES/2>
- Perez-Sanchez, C., Font-Ugalde, P., Ruiz-Limon, P., Lopez-Pedreria, C., Castro-Villegas, M. C.,... Jimenez-Gomez, Y. (2018). Circulating microRNAs as Potential Biomarkers Of Disease Activity and Structural Damage in Ankylosing Spondylitis Patients. *Human Molecular Genetics*, 27 (5), 875–890. <https://doi.org/10.1093/HMG/DDY008>
- Perl, A. (2012). Pathogenesis and Spectrum of Autoimmunity. In *Methods in Molecular Biology* (Vol. 900, pp. 1–9). Totowa, NJ.: Humana Press, https://doi.org/10.1007/978-1-60761-720-4_1
- Pimentel-Santos, F. M., Ligeiro, D., Matos, M., Mourão, A. F., Costa, J.,... Thomas, G. P. (2011). Whole Blood Transcriptional Profiling in Ankylosing Spondylitis Identifies Novel Candidate Genes that Might Contribute to The Inflammatory and Tissue-Destructive Disease Aspects. *Arthritis Research & Therapy*, 13 (2). <https://doi.org/10.1186/AR3309>
- Prajzlerová, K., Grobelná, K., Hušáková, M., Forejtová, Š., Jüngel, A.,... Filková, M. (2017). Association between Circulating miRNAs and Spinal Involvement in Patients with Axial Spondyloarthritis. *PLoS ONE*, 12 (9), e0185323. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0185323>
- Prajzlerová, K., Komarc, M., Forejtová, Š., Pavelka, K., Vencovský, J., ... Filková, M. (2021). Circulating miR-145 as a Marker of Therapeutic Response to Anti-TNF Therapy in Patients With Ankylosing Spondylitis. *Physiological Research*, 70 (2), 255–264. <https://doi.org/10.33549/physiolres.934542>
- Qian, B. P., Ji, M. L., Qiu, Y., Wang, B., Yu, Y., Luo, Y. F. (2016). Identification of Serum miR-146a and miR-155 as Novel Noninvasive Complementary Biomarkers for Ankylosing Spondylitis. *Spine*, 41 (9), 735–742. <https://doi.org/10.1097/BRS.0000000000001339>

- Ranganathan, V., Gracey, E., Brown, M. A., Inman, R. D. ve Haroon, N. (2017). Pathogenesis of Ankylosing Spondylitis — Recent Advances and Future directions. *Nature Reviews Rheumatology* 13 (6), 359–367. <https://doi.org/10.1038/nrrheum.2017.56>
- Raudvere, U., Kolberg, L., Kuzmin, I., Arak, T., Adler, P.,... Vilo, J. (2019). g: Profiler: A Web Server for Functional Enrichment Analysis And Conversions of Gene Lists (2019 update). *Nucleic Acids Research*, 47 (1), 191–198. <https://doi.org/10.1093/NAR/GKZ369>
- Raychaudhuri, S. P. ve Deodhar, A. (2014). The Classification and Diagnostic Criteria of Ankylosing Spondylitis. *Journal of Autoimmunity*, 48, 128–133. <https://doi.org/10.1016/j.jaut.2014.01.015>
- Roberts, A. R., Vecellio, M., Chen, L., Ridley, A., Cortes, A.,... Wordsworth, B. P. (2016). An Ankylosing Spondylitis-Associated Genetic Variant in the IL23R-IL12RB2 Intergenic Region Modulates Enhancer Activity and is Associated with Increased Th1-cell Differentiation. *Annals of the Rheumatic Diseases*, 75 (12), 2150–2156. <https://doi.org/10.1136/annrheumdis-2015-208640>
- Rudwaleit, M., Haibel, H., Baraliakos, X., Listing, J., Märker-Hermann, E.,... Sieper, J. (2009). The Early Disease Stage in Axial Spondylarthritis: Results from The German Spondyloarthritis Inception Cohort. *Arthritis & Rheumatism*, 60 (3), 717–727. <https://doi.org/10.1002/ART.24483>
- Salas, D., Stacey, R. G., Akinlaja, M. ve Foster, L. J. (2020). Next-generation Interactomics: Considerations for the Use of Co-elution to Measure Protein Interaction Networks. *Molecular & Cellular Proteomics : MCP*, 19 (1), 1–10. <https://doi.org/10.1074/MCP.R119.001803>
- Shannon, P., Markiel, A., Ozier, O., Baliga, N. S., Wang, J. T.,... Ideker, T. (2003). Cytoscape: A Software Environment for Integrated Models of Biomolecular Interaction Networks. *Genome Research*, 13 (11), 2498–2504. <https://doi.org/10.1101/GR.1239303>
- Sharip, A. ve Kunz, J. (2020). Understanding the Pathogenesis of Spondyloarthritis. *Biomolecules*, 10 (10), 1461. <https://doi.org/10.3390/BIOM10101461>
- Shaw, A. T. ve Gravalles, E. M. (2016). Mediators of Inflammation and Bone Remodeling in Rheumatic Disease. *Seminars in Cell & Developmental Biology*, 49, 2–10. <https://doi.org/10.1016/J.SEMCDB.2015.10.013>
- Soleimani, M., Yari, K. ve Moradi, M. (2022). MiR-1290: A Potential Therapeutic Target For Regenerative Medicine or Diagnosis and Treatment of Non-Malignant Diseases. *Research Square*, 1–26.
- Stolwijk, C., van Onna, M., Boonen, A. ve van Tubergen, A. (2016). Global Prevalence of Spondyloarthritis: A Systematic Review and Meta-Regression Analysis. *Arthritis Care & Research*, 68 (9), 1320–1331. <https://doi.org/10.1002/ACR.22831>
- Subramanian, A., Tamayo, P., Mootha, V. K., Mukherjee, S., Ebert, B. L.,... Mesirov, J. P. (2005). Gene Set Enrichment Analysis: A Knowledge-Based

- Approach for Interpreting Genome-Wide Expression Profiles. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102 (43), 15545–15550. <https://doi.org/10.1073/pnas.0506580102>
- Sun, B., Liu, C., Li, H., Zhang, L., Luo, G.,... Lü, M. (2020). Research Progress on the Interactions Between Long Non-Coding RNAs and microRNAs in Human Cancer (Review). *Oncology Letters*, 19 (1), 595–605. <https://doi.org/10.3892/ol.2019.11182>
- Szklarczyk, D., Gable, A. L., Nastou, K. C., Lyon, D., Kirsch, R.,... von Mering, C. (2021). The STRING Database in 2021: Customizable Protein-Protein Networks, and Functional Characterization of User-Uploaded Gene/Measurement Sets. *Nucleic Acids Research*, 49 (1), 605–612. <https://doi.org/10.1093/NAR/GKAA1074>
- Kenna, T., Davidson, S.I. ve Thomas, G. (2011). The genomics and genetics of ankylosing spondylitis. *Advances in Genomics and Genetics*, 1, 9-25. <https://doi.org/10.2147/agg.s18695>
- Tito, R. Y., Cypers, H., Joossens, M., Varkas, G., Van Praet, L.,... Elewaut, D. (2017). Brief Report: Dialister as A Microbial Marker of Disease Activity in Spondyloarthritis. *Arthritis and Rheumatology*, 69 (1), 114–121. <https://doi.org/10.1002/ART.39802/ABSTRACT>
- Titus, A. J., Way, G. P., Johnson, K. C. ve Christensen, B. C. (2017). Deconvolution of DNA Methylation Identifies Differentially Methylated Gene Regions on 1p36 Across Breast Cancer Subtypes. *Scientific Reports*, 7 (1), 1–9. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-10199-z>
- Vecellio, M., Roberts, A. R., Cohen, C. J., Cortes, A., Knight, J. C., ... Wordsworth, B. P. (2016). The Genetic Association of RUNX3 with Ankylosing Spondylitis Can Be Explained By Allele-Specific Effects on Irf4 Recruitment that Alter Gene Expression. *Annals of the Rheumatic Diseases*, 75 (8), 1534–1540. <https://doi.org/10.1136/ANNRHEUMDIS-2015-207490>
- Wang, J. (2013). Functional Enrichment Analysis BT - *Encyclopedia of Systems Biology*. W. Dubitzky, O. Wolkenhauer, K.-H. Cho, & H. Yokota (Eds.). p. 772). New York: Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4419-9863-7_491
- Wang, R. ve Ward, M. M. (2018). Epidemiology of Axial Spondyloarthritis: An Update. *Current Opinion in Rheumatology*, 30 (2), 137. <https://doi.org/10.1097/BOR.0000000000000475>
- Wang, X. B., Ellis, J. J., Pennisi, D. J., Song, X., Batra, J.,... Brown, M. A. (2017). Transcriptome Analysis of Ankylosing Spondylitis Patients Before and After TNF- α Inhibitor Therapy Reveals The Pathways Affected. *Genes and Immunity*, 18 (3), 184–190. <https://doi.org/10.1038/gene.2017.19>
- Wang, Y., Luo, J., Wang, X., Yang, B. ve Cui, L. (2017). MicroRNA-199a-5p Induced Autophagy and Inhibits the Pathogenesis of Ankylosing Spondylitis by Modulating the mTOR Signaling via Directly Targeting Ras Homolog Enriched in Brain (Rheb). *Cellular Physiology and Biochemistry*, 42 (6), 2481–2491. <https://doi.org/10.1159/000480211>

- Wen, C., Zheng, Z., Shao, T., Liu, L., Xie, Z., ... Ehrlich, S. D. (2017). Quantitative Metagenomics Reveals Unique Gut Microbiome Biomarkers in Ankylosing Spondylitis. *Genome Biology*, 18 (1), 1–13. <https://doi.org/10.1186/S13059-017-1271-6/FIGURES/4>
- Winchester, R., Minevich, G., Steshenko, V., Kirby, B., Kane, D.,... FitzGerald, O. (2012). HLA Associations Reveal Genetic Heterogeneity in Psoriatic Arthritis and in The Psoriasis Phenotype. *Arthritis & Rheumatism*, 64 (4), 1134–1144. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/art.33415>
- Xiao, F., Zhang, H.-Y., Liu, Y. Y.-J., Zhao, D., Shan, Y.-X. Y.,... Jiang, Y-F. (2013). Higher Frequency of Peripheral Blood Interleukin 21 Positive Follicular Helper T Cells in Patients with Ankylosing Spondylitis. *The Journal of Rheumatology*, 40 (12), 2029–2037. <https://doi.org/10.3899/jrheum.130125>
- Xiao, M., Zheng, X., Li, X., Wu, X., Huang, Y.,... Gu, J. (2022). Integrative Blood-Derived Epigenetic and Transcriptomic Analysis Reveals The Potential Regulatory Role of DNA Methylation in Ankylosing Spondylitis. *Arthritis Research and Therapy*, 24 (1), 1–14. <https://doi.org/10.1186/S13075-021-02697-3/FIGURES/5>
- Xie, Z., Li, J., Wang, P., Li, Y., Wu, X.,... Shen, H. (2016). Differential Expression Profiles of Long Noncoding RNA And Mrna of Osteogenically Differentiated Mesenchymal Stem Cells in Ankylosing Spondylitis. *Journal of Rheumatology*, 43(8), 1523–1531. <https://doi.org/10.3899/jrheum.151181>
- Xu, Z., Y., Zhou, C., Zhang, K. F. ve Zheng, Y. P. (2018). Identification of Key Genes in Ankylosing Spondylitis. *Immunology Letters*, 204, 60–66. <https://doi.org/10.1016/j.imlet.2018.03.016>
- Xu, Z., Zhou, X., Li, H., Chen, Q. ve Chen, G. (2019). Identification of the Key Genes and Long Non-Coding RNAs in Ankylosing Spondylitis Using RNA Sequencing. *International Journal of Molecular Medicine*, 43 (3), 1179–1192. <https://doi.org/10.3892/ijmm.2018.4038>
- Xu, Z., Wang, X. ve Zheng, Y. (2018). Screening for Key Genes and Transcription Factors in Ankylosing Spondylitis by RNA-seq. *Experimental and Therapeutic Medicine*, 15 (2), 1394–1402. <https://doi.org/10.3892/etm.2017.5556>
- Zakharova, M. Y., IO., 3. M., Belyanina, T. A., A., Б. Т., Sokolov, A. V., B., C. A., Kiselev, I. S., C., K. И., Mamedov, A. E. ve Э., M. A. (2019). The Contribution of Major Histocompatibility Complex Class II Genes to an Association with Autoimmune Diseases. *Acta Naturae*, 11 (4), 4–12. <https://doi.org/10.32607/20758251-2019-11-4-4-12>
- Zhang, B. ve Horvath, S. (2005). A General Framework for Weighted Gene Co-Expression Network Analysis. *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*, 4 (1). <https://doi.org/10.2202/1544-6115.1128>
- Zhang, C., Wang, C., Jia, Z., Tong, W., Liu, D.,... Xu, W. (2017). Differentially Expressed mRNAs, lncRNAs, and miRNAs with Associated Co-Expression and ceRNA Networks in Ankylosing Spondylitis. *Oncotarget*, 8 (69),

113543–113557. <https://doi.org/10.18632/oncotarget.22708>

- Zhang, X., Lu, J., Pan, Z., Ma, Y., Liu, R.,... Pan, F. (2019). DNA Methylation and Transcriptome Signature of the IL12B Gene in Ankylosing Spondylitis. *International Immunopharmacology*, 71 (January), 109–114. <https://doi.org/10.1016/j.intimp.2019.03.026>
- Zhang, Y., Sun, Z., Jia, J., Du, T., Zhang, N.,... Fang, D. (2021). Overview of Histone Modification BT - *Histone Mutations and Cancer*. D. Fang & J. Han (Eds.). pp. 1–16. Singapore: Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-15-8104-5_1
- Zou, Y.-C., Yan, L.-M., Gao, Y.-P., Wang, Z.-Y. ve Liu, G. (2020). miR-21 may Act as A Potential Mediator Between Inflammation and Abnormal Bone Formation in Ankylosing Spondylitis Based on TNF- α Concentration-Dependent Manner Through the JAK2/STAT3 Pathway. *Dose-Response : A Publication of International Hormesis Society*, 18 (1), 1559325819901239. <https://doi.org/10.1177/1559325819901239>

Ek-1: WGCNA Modülleri Gen Listesi
Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	AARS1	AP4B1	C2orf42	CHMP2B	CYB561A3
	ABCB1	APEX2	C7orf26	CHMP5	CYB5R1
	ABCF1	ARHGAP17	C9orf72	CHTF18	CYB5R4
	ABHD15	ARHGEF18	CAB39	CIAO2A	CYFIP2
	ABLIM1	ARHGEF6	CABIN1	CIDEC1	CYHR1
	ACAD11	ARHGEF7	CABP5	CIR1	CYTH3
	ACD	ARL5B	CAD	CKAP5	CYTIP
	ACO1	ARMCX2	CALM1	CLDN20	DAG1
	ACSL1	ARPC4	CAMK2N1	CLEC10A	DAPP1
	ACSL4	ARRDC1	CAPN12	CLEC4A	DBT
	ACSL5	ASAH1	CAPN2	CLEC4D	DCAF15
	ACTR3B	ASGR1	CAPZA1	CLIC2	DCAF4
	ADA	ASGR2	CARD11	CLSTN1	DCTN4
	ADA2	ASPH	CARD16	CLUH	DDB1
	ADARB1	ASXL2	CARNS1	CLUHP3	DDHD2
	ADGRG1	ATIC	CASP1	CMAS	DDX24
	ADGRL1	ATP1A1	CASP4	CMPK1	DDX39A
	ADORA2B	ATP2B4	CAVIN2	CMTM2	DDX51
	ADRM1	ATP5F1A	CBLB	CMTM7	DDX56
	AFF3	ATP6V0E1	CCAR2	CMYA5	DENND2D
	AGAP1	ATP8B4	CCDC102A	CNDP2	DET1
	AGFG2	ATXN2L	CCDC130	CNEP1R1	DEXI
	AGPAT2	ATXN7L2	CCDC86	CNIH4	DGKA
	AGTRAP	AXIN1	CCL28	CNNM3	DHRS9
	AHCYL1	AZI2	CCPG1	CNOT1	DHX30
	AHNAK	B2M	CCR9	CNPY4	DHX9
	AIG1	B4GAT1	CCSER2	CNTROB	DIAPH1
	AIM2	BACH2	CCT3	COL9A2	DKC1
	AK5	BAG3	CD1E	COP1	DMWD
	ALDH18A1	BAG5	CD226	COPA	DNAAF5
	ALDH4A1	BARD1	CD247	COPS7B	DNAJC25
	ALDH6A1	BAZ1B	CD40LG	COQ2	DNAJC25-GNG10
	ALG8	BBS1	CD58	COQ6	DNAL4
	ALG9	BBS9	CD63	CPA3	DNHD1
	ALKBH5	BBX	CD81	CPNE1	DOLK
	ALMS1	BCL2A1	CD83	CPSF4	DPH2
	ANAPC1	BCOR	CD8A	CRADD	DPH3
	ANAPC5	BID	CD96	CREB3L2	DPP3
	ANGEL1	BIRC2	CDC25B	CRELD1	DUSP14
	ANK3	BLVRA	CDIPT	CRY2	DVL2
	ANKRD22	BRPF1	CENATAC	CS	DYNLT1
	ANKRD34A	BTBD10	CEP19	CTNND1	DYRK2
	ANO9	BTBD6	CEP41	CTPS1	E2F3
	ANXA3	BTK	CEP68	CTPS2	EARS2
	ANXA6	BYSL	CES2	CTSE	ECHDC2
	AP1G2	C12orf76	CFAP91	CTSW	ECHS1

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	AP3M1	C1GALT1C1	CHAMP1	CWC25	EDEM3
	AP3S1	C22orf34	CHD2	CXCR3	EEF1AKNMT
	EFTUD2	FEZ1	H2BC11	IRF3	LY9
	EGFLAM	FGFBP2	H2BC4	ISCA1	LYRM1
	EHMT2	FGFRL1	H4C4	ISCU	LZTR1
	EI24	FIGNL1	HACD3	ITFG2	MAD1L1
	EID2	FLNA	HAR1A	ITGAL	MAGED1
	EIF2B4	FLVCR2	HBP1	ITGB7	MAN2C1
	EIF3B	FMO4	HCFC1	ITPR3	MAP1LC3B
	EIF4A1	FOXK2	HCST	ITPRIPL1	MAP2K4
	EIF4E3	FTH1P11	HDAC1	JADE2	MAP3K9
	EIPR1	FTH1P2	HDC	JAK2	MAP4
	ELAC2	FTH1P3	HEBP2	KAT2A	MAP4K1
	ELMOD2	FTH1P8	HECA	KAT6B	MARCHF5
	ELP4	FYCO1	HIGD1A	KCNK4	MATK
	EMC1	FYN	HLA-DOA	KDM1A	MAX
	EMC6	G3BP1	HMG20A	KIAA1671	MCAT
	ENG	GABARAP	HMGB2	KIF13B	MCL1
	ENGASE	GABARAPL2	HNRNPA3	KIR3DL1	MCM3
	EPHB6	GABBR1	HNRNPAB	KLF12	MCM7
	EPHX2	GADD45A	HNRNPD	KLHL3	MCPH1
	EPRS1	GALK2	HNRNPM	KLRD1	MCRS1
	ERBB2	GALT	HNRNPR	KMT5B	MDH2
	ESPL1	GATA3	HNRNPUL2	KRBA1	MED11
	ESRRA	GCDH	HOXA10	KRI1	MED24
	ESYT1	GEMIN4	HOXC11	L3MBTL2	MED28
	ESYT2	GEMIN5	HOXC4	LAMTOR1	MEF2C
	EVI2B	GGH	HPGD	LAMTOR5	MEG3
	EVL	GGT7	HPSE	LAT	MEN1
	EWSR1	GID4	HRK	LAX1	METTTL17
	EXD2	GIMAP5	HSDL2	LEO1	METTTL9
	EXOC6	GLRX	HSPB3	LIG1	MEX3D
	EXOC7	GLS	HTATIP2	LILRA5	MGA
	EXOSC10	GLUD2	IARS1	LINGO2	MIGA2
	EXOSC3	GMEB1	ICMT	LLGL2	MIPEP
	EZR	GNG10	IDI1	LMBRD1	MLH1
	FAM102A	GOLGA3	IDUA	LMLN	MLLT6
	FAM110A	GOLGA7B	IFNA8	LMNB2	MMD
	FAM160B1	GORASP2	IFNAR2	LONP1	MMS19
	FAM171A1	GOSR2	IFRD1	LPAR1	MORC2
	FAM43A	GOT1	IFT52	LPAR5	MORC2-AS1
	FAM83H	GOT2	IKBKE	LPXN	MOSPD2
	FAM8A1	GPR65	IL11RA	LRRC14	MPC2
	FAS	GPR68	IL21R	LRRC43	MPRIP
	FASN	GSKIP	IL2RB	LRRC45	MPZL2
	FASTK	GTDC1	IL37	LSG1	MRPL44
	FBXL6	GTF2H4	IL7R	LSS	MS4A2

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	FBXO21	GTF3C1	ILF3	LST1	MS4A3
	FBXO31	GTF3C2	INO80	LTBP3	MS4A6A
	FCGBP	GTPBP3	INPP5E	LTBP4	MSRB3
	FCMR	H2AJ	IPO9	LUZP1	MSX2P1
	FCRL6	H2AZ1	IRAK1	LY6G5B	MTFMT
	MTHFD2	OBSCN	PLEKHA1	PUM1	RNPS1
	MTHFS	ODF2	PLEKHF1	PVRIG	RO60
	MTMR6	OGFOD1	PLEKHG4	PWP1	ROBO3
	MTOR	OPA3	PLGLA	PYHIN1	RORC
	MUC20	OSBP	PLGLB1	QDPR	RPA2
	MUTYH	OSBPL11	PLLP	QPCT	RPAP1
	MXD4	OSBPL7	PLOD3	QRICH1	RPL23AP7
	MYCBP2	P2RY13	PLP2	RAB1A	RPL28
	MYH4	P2RY8	PLSCR3	RAB27A	RPS23
	MYO16	P4HB	PLXDC1	RAB33B	RPUSD2
	MYO1G	P4HTM	PLXNA1	RAB3GAP1	RSPRY1
	NAB2	PABPC1	PLXNA3	RAB3IP	RTCA
	NABP1	PABPC4	PNPLA8	RABL2A	RTN1
	NAGPA	PAFAH2	POGK	RABL2B	RTN3
	NCALD	PAICS	POGLUT1	RAI1	RTN4R
	NCAPD2	PAN2	POGZ	RALGDS	RTTN
	NCAPD3	PARG	POLD1	RALY	RUFY2
	NCDN	PARP1	POLG	RAMAC	RUNX3
	NCOA5	PCED1A	POLR1C	RAPGEF6	RYR1
	NCR1	PCED1B	POLR2J3	RASSF1	S100A10
	NDRG3	PCGF5	POLR3B	RBM12	S100A12
	NEDD8	PCM1	POLRMT	RBM14	S1PR5
	NEDD9	PCNX3	POP1	RBM18	SAFB2
	NELFB	PCSK7	PPP1CA	RBM39	SAMD10
	NELFCD	PDGFRB	PPP1R14A	RBM44	SAMD3
	NFATC2IP	PDHB	PPP1R16B	RBM47	SARM1
	NFIL3	PDZD8	PPP1R21	RBM4B	SBK1
	NICN1	PELP1	PPP1R3F	RBP7	SCAF4
	NIN	PFAS	PPP2R3C	RCE1	SCRN1
	NISCH	PFKP	PPP2R5A	RER1	SDAD1
	NMI	PGRMC1	PPP4R1	RFC1	SDF2
	NOLC1	PHF10	PRAG1	RFTN1	SDHA
	NONO	PHF11	PRF1	RGS10	SDK2
	NOP2	PHF19	PRPF31	RGS12	SEC16A
	NPAT	PHLDB3	PRPF4	RHEX	SEC31A
	NPC1	PI4KA	PRPF8	RHOT2	SEMA4F
	NPIPA1	PI4KAP2	PRPSAP1	RIC8A	SEN2
	NR3C1	PIEZO1	PRRC2A	RILP	SEPTIN6
	NRBP2	PIGO	PSG9	RING1	SEPTIN9
	NRG1	PIGS	PSMD1	RIOK1	SERINC3
	NSMF	PIK3AP1	PSME3	RIPK2	SERINC5
	NTNG2	PIK3C2B	PTBP1	RIT1	SERP1

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	NUDT3	SNX20	THAP11	TSPY26P	WDR77
	NUMA1	SON	TIAF1	TSPYL2	WDR82
	NUP188	SP3	TIGIT	TTC3	WSB2
	NUP205	SPN	TIMM8B	TTC31	XRCC3
	NUP214	SPOCK2	TLE2	TTC4	XRCC6
	NUP85	SPON2	TLR1	TUBB	YARS1
	NUP93	PIK3IP1	TLR4	TUBG1	YEATS2
	NXF1	PITX2	TMEM11	TUBG2	YTHDF1
	SGSM1	PKD1	TMEM138	TUBGCP4	YTHDF3
	SGSM3	PKN3	TMEM165	TUBGCP6	ZAP70
	SH2B1	PLA2G7	TMEM167A	TWNK	ZBTB20
	SH2D5	PLCXD1	TMEM167B	TXLNA	ZBTB43
	SH3BP4	PLD3	PTCH1	TXN	ZBTB9
	SH3GLB1	PLEC	PTDSS1	U2AF2	ZC2HC1A
	SHOC2	SPPL2A	PTEN	UAP1L1	ZC3H6
	SHPK	SPTAN1	PTGDS	UBAP2	ZC3HC1
	SIDT1	SPTLC1	PTOV1	UBASH3A	ZCCHC3
	SIGIRR	SRGN	PTPN9	UBLCP1	ZDHHC14
	SIRPG	SRP68	PTPRM	RMI1	ZDHHC8
	SLA	SRRM1	PTPRN2	RNASE4	ZFAND1
	SLC25A14	ST3GAL1	TMEM184C	RNASEH1	ZFAND6
	SLC25A35	ST3GAL6	TMEM203	RNF149	ZFP91
	SLC29A3	ST6GALNAC6	TMEM255B	RNF216	ZFPM1
	SLC38A1	ST8SIA4	TMEM30A	RNF26	ZMYM3
	SLC40A1	STAP2	TMEM39B	RNMT	SERPINB1
	SLC50A1	STAT4	TNFRSF12A	RNPC3	SERPINH1
	SLC52A2	STK17B	TNNC2	UCKL1	SERTAD3
	SLC5A6	STK25	TNPO2	UNG	SETD1A
	SLC66A2	STX12	TOP1MT	URGCP	SF3B2
	SLC7A5P1	STX7	TOP2B	USP1	SF3B3
	SLC7A6	SULT1A2	TOP3B	USP11	SFMBT1
	SLF2	SULT1B1	TOR1A	USP13	SGK3
	SLPI	SUN2	TP53INP1	USP47	ZNF135
	SMAD3	SYN2	TPM2	USP5	ZNF148
	SMAD7	SYNE2	TPP2	UTP14A	ZNF212
	SMAGP	SZRD1	TRAF1	UTP4	ZNF254
	SMARCA4	TAB1	TRAK1	VAC14	ZNF275
	SMARCC1	TAF1C	TRAPPC5	VAPA	ZNF282
	SMARCC2	TBC1D10C	TRAPPC6B	VARA1	ZNF318
	SMARCD1	TBC1D19	TRIM26	VIPR1	ZNF33A
	SMARCD3	TBC1D31	TRIM32	VPS13A	ZNF395
	SMCHD1	TBC1D9B	TRIM41	VPS35L	ZNF428
	SMIM3	TBCD	TRIM44	VPS52	ZNF512
	SMPDL3A	TCF4	TRIM46	VWA8	ZNF512B
	SMYD3	TCOF1	TRIM49	WASHC2A	ZNF573
	SNAPC2	TCP11L1	TRPV2	WBP11	ZNF586
	SND1	TCTN3	TRRAP	WDR38	ZNF598
	SNN	TDP2	TRUB2	WDR4	ZNF74
	SNPH	TDRKH	TSEN2	WDR43	ZNF740
	SNRNP70	TECR	TSEN54	WDR5	ZNF76
	SNRPB	TGFA	TSPAN32	WDR54	ZNF792
	SNX13	TGFBR3	TSPOAP1	WDR6	ZNF831

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Mavi	ABHD10	ARPC3	CALML4	CKS2	DDX54
	ABHD16A	ARRDC4	CAP1	CLASP1	DEK
	ACADS	ASB6	CAPZA2	CLEC10A	DGKQ
	ACAT1	ATG2B	CAPZB	CLIP1	DHX38
	ACOT13	ATG3	CARS1	CLK2	DHX40
	ACSM3	ATG4C	CASP2	CLK4	DHX57
	ACTG1	ATG5	CASP3	CLSTN1	DMAC2L
	ACTN4	ATP11C	CBL	CMC1	DNAJA1
	ACTR5	ATP2B4	CBWD5	CMC2	DNAJA2
	ACTR6	ATP5F1EP2	CBX1	CMTM6	DNAJC15
	ADCY9	ATP5IF1	CBX3	CNBP	DOCK2
	ADD1	ATP5ME	CBX4	CNOT6	DPH5
	AGPS	ATP5MF	CBX6	COA3	DPM1
	AHCYL2	ATP5MG	CC2D1A	COA4	DPP3
	AIF1	ATP5MPL	CC2D1B	COG7	DPY30
	ALCAM	ATP5PD	CCDC120	COMMD1	DRAM2
	ALDH1A1	ATP5PF	CCDC58	COMMD6	DUSP23
	ALDH9A1	ATP6V1D	CCDC97	COMMD8	DYNLT2B
	ALDOB	ATXN2L	CCNH	COPG2	EAF1
	ALG13	AZIN2	CCR6	COPS2	EAF2
	ALG14	B3GAT1	CCT3	COPS4	ECHDC1
	AMD1	BACH2	CCT5	COPS5	EEF1B2
	AMY1C	BAGE2	CCZ1B	COQ8B	EEF1E1
	ANAPC13	BAGE5	CD302	COX14	EFHD2
	ANAPC15	BCCIP	CDC26	COX16	EGR2
	ANGPT1	BCL9	CDH23	COX6A1	EHD4
	ANKHD1	BCR	CDIP1	COX7A2	EIF4ENIF1
	ANKRD6	BEX1	CDK12	COX7B	EIF4H
	ANO8	BEX3	CDK7	COX7C	ELOB
	AP1S2	BLOC1S5	CDKN2C	CPT1A	ELOC
	AP3B1	BNIP2	CELA1	CRBN	EMC2
	AP3D1	BOLA2	CELF1	CREBRF	EMC6
	APBA2	BORCS7	CENPN	CRIP1	ENO3
	APBB1IP	BPTF	CEP170	CRKL	ENY2
	APCDD1	BRK1	CEP350	CRYBB2	EP300
	APIP	BRWD1	CEP57	CSK	EPN2
	APTX	BTF3	CEPT1	CTS2	EPX
	AQR	BTN3A1	CETN3	CWC15	ERC1
	ARFIP2	BTN3A3	CFAP36	CWC27	ERGIC2
	ARHGAP1	BUD31	CFDP1	CYB561	ERH
	ARHGAP17	C18orf21	CFL1	CYP2S1	EVI2A
	ARHGAP25	C18orf32	CGRRF1	CYTH1	EWSR1
	ARHGAP4	C2orf49	CHCHD1	CYTOR	FABP5
	ARHGEF2	C2orf74	CHCHD2P9	DBI	FAM136A
	ARID1A	C2orf76	CHMP2A	DCP2	FAM13A
	ARID2	C5orf15	CHMP4A	DCTN6	FAM163A

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Mavi	ARL15	CAB39L	CHMP5	DDB1	FAM172A
	ARL8B	CALHM6	CKS1B	DDX23	FAM204A
	FAM222B	HSPE1	MCTS1	MYL12B	PDCL3
	FAM78A	IFI27L2	MED14	MYL6	PDPR
	FBXO46	IFT52	MED7	MYO1C	PEX2
	FBXW8	IFTAP	METTL17	NAA20	PFDN5
	FCRLB	INF2	METTL18	NAA38	PHF13
	FKBP3	ING2	METTL5	NAA50	PIAS4
	FMNL3	IRF2BP2	METTL6	NAT1	PIP4K2B
	FNBP1	IRF5	MGAT4A	NAV1	PIP4P1
	FOXP1	IST1	MKKS	NCAPG	PITRM1
	FRG1	ISY1	MNT	NDFIP1	PLAGL2
	FRRS1	ITGB3BP	MOB4	NDUFA1	PLCD1
	FUOM	JCHAIN	MOGS	NDUFA4	PLEKHG2
	FUZ	KANSL1	MPHOSPH6	NDUFAF1	PLXNB2
	FXR2	KAT14	MPLKIP	NDUFAF2	PMPCB
	GDI2	KAT6A	MPV17L2	NDUFAF5	PNKD
	GEMIN2	KBTBD3	MRE11	NDUFB3	POFUT2
	GEMIN6	KIF3B	MRPL1	NDUFB7	POLE4
	GGCT	KMT2E	MRPL11	NDUFS4	POLR2A
	GGPS1	KPNA4	MRPL13	NDUFS5	POLR3F
	GIGYF1	KRCC1	MRPL20	NEDD8	POMP
	GLB1	KYAT3	MRPL21	NFAT5	PPBP
	GLRX2	LAMTOR2	MRPL22	NFATC3	PPIG
	GNG11	LAMTOR3	MRPL27	NFKB1	PPP1CB
	GNL3	LARP7	MRPL30	NFRKB	PPP1R11
	GOSR2	LBH	MRPL32	NGDN	PPP2R1B
	GPATCH1	LGALS2	MRPL33	NKIRAS1	PPP2R3C
	GPBP1	LIMK1	MRPL35	NOL12	PPP2R5C
	GPBP1L1	LINC00239	MRPL40	NOXA1	PPP4R3A
	GPR65	LINC00467	MRPL47	NPHP4	PRICKLE4
	GSE1	LLPH	MRPL51	NSMCE2	PRPF18
	GSTO1	LMF2	MRPL53	NUCB2	PRPF3
	GTF2F2	LRRC45	MRPS11	NUMA1	PSMA2
	GTF3C6	LRRC47	MRPS18C	NXF1	PSMA3
	GZMM	LSM1	MRPS21	NXT2	PSMA4
	H4C12	LSM3	MRPS22	OARD1	PSMA6
	HAT1	LSM7	MRPS23	OBI1	PSMB1
	HAUS1	LY96	MRPS28	OCRL	PSMC6
	HDDC2	LYN	MRPS33	ODF2L	PTBP3
	HDHD2	LYPLAL1	MS4A6A	OXSM	PTPN1
	HELZ	LYRM2	MSANTD3	PAK4	PTPN6
	HEMK1	LYST	MT1X	PARK7	PTRH2
	HIPK1	LZTS2	MTCH1	PARL	PTS
	HMGB1	MACIR	MTIF3	PARP16	PUDP
	HMGB1P1	MAGOH	MTMR4	PARP3	PWWP2B
	HMGCS1	MAMLD1	MTRES1	PCBP1	RAB11A
	HNMT	MAP3K7CL	MYB	PCIF1	RAB21

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Mavi	HPF1	MAP4K5	MYCBP	PCLAF	RAB6A
	HPS4	MBD1	MYDGF	PCMTD1	RABL3
	HSDL1	MCEE	MYG1	PCSK5	RAD21
	HSPB11	MCM5	MYH9	PDCD10	RAP2C
	RASSF5	SAR1B	SPEN	TMEM259	WASHC3
	RB1CC1	SARNP	SPTSSA	TMEM70	WDR1
	RBBP5	SCAMP1	SRCAP	TMEM80	WDR81
	RBM25	SCIMP	SREBF1	TMEM97	WDR91
	RBM33	SCOC	SRF	TMSB10	WNK1
	RBX1	SEC11A	SRP14	TNC	WRAP73
	REEP5	SEC11C	SRP14P1	TNFRSF17	WWP2
	RFC1	SEC23B	SRSF4	TNPO1	XPC
	RFX1	SEC61G	SSR2	TNRC6A	YPEL5
	RGS18	SELENOT	STK24	TOMM5	ZAP70
	RIDA	SEM1	STK38L	TOMM7	ZBTB2
	RIOK2	SERINC2	STN1	TP53BP1	ZBTB8OS
	RMC1	SETDB2	STX8	TPP1	ZC3H15
	RMND1	SF3A1	SUB1	TPRKB	ZC3H18
	RNF138	SF3B4	SUMO1P3	TPT1	ZMAT2
	RNF141	SFR1	SUPT3H	TRAPPC2B	ZMIZ1
	RNF7	SGO2	SURF1	TRAPPC2L	ZMYND19
	RPAIN	SH2D3C	SVIL	TRIAP1	ZNF146
	RPAP3	SH3GLB2	SYAP1	TRIML1	ZNF174
	RPL11	SHLD2	SYF2	TRMT112	ZNF226
	RPL17	SHMT1	SYNE2	TSPYL4	ZNF271P
	RPL23	SIN3A	SYNRG	TTI1	ZNF277
	RPL26	SKA2	SYVN1	TUBA1B	ZNF280D
	RPL26L1	SLC15A4	TACC1	TUBG1	ZNF410
	RPL31	SLC23A3	TAF1	TXNDC17	ZNF480
	RPL34	SLC25A46	TAF7	TXNDC9	ZNF484
	RPL35A	SLC30A9	TAP2	UBA1	ZNF518B
	RPL36AL	SLC35D2	TAPT1	UBAP2L	ZNF585A
	RPL6	SLC38A10	TATDN1	UBE2A	ZNF613
	RPL7	SLC50A1	TAX1BP1	UBE2D3	ZNF658B
	RPL8	SLC5A10	TBC1D9B	UBE2E1	ZNF766
	RPS17	SLIRP	TBCD	UBE2V2	ZNF770
	RPS21	SLMAP	TCEAL4	UBE3A	ZNF805
	RPS24	SLU7	TCEAL9	UBL5	ZNHIT3
	RPS27	SMARCA5	TENT4B	UBR7	ZSCAN16
	RPS27L	SMG8	TFIP11	UBTF	ZUP1
	RPS7	SMIM14	THAP1	UGGT1	
	RPTOR	SMS	THG1L	UGP2	
	RSKR	SNHG3	THOC7	UQCC2	
	RSL24D1	SNRPF	THYN1	UQCRB	
	RSRC1	SNRPG	TIPRL	UQCRH	
	RTN2	SNX14	TM9SF3	UQCRQ	
	RTN4	SNX2	TM9SF4	USP38	
	RWDD1	SOGA1	TMA7	USP42	
	RWDD3	SON	TMBIM6	UTP11	
	RWDD4	SOS1	TMCO1	VAMP5	
	RYBP	SP140	TMEM126A	VAMP7	
	S100P	SPA17	TMEM126B	VBP1	
	SAFB2	SPAG7	TMEM131	VCPIP1	
	SALL2	SPAST	TMEM161A	VPS29	

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Kahverengi	AAMDC	CBLL1	FASTKD3	LEF1	OTUD4
	ABCA5	CCDC89	FBXO21	LENG1	PDCL
	ACLY	CDC23	FCRL3	LGALS3	PDIA3P1
	ACSL5	CDK5	FEZ1	LPIN1	PGM2L1
	ADK	CDK6	FNBP4	LRIG1	PHACTR2
	ADNP	CDYL	FOXJ3	LRRC8C	PHACTR4
	ADRB2	CEP41	FOKK1	LSM10	PHF20L1
	AGAP6	CHAT	FTH1P11	LY6H	PHKB
	AGPAT2	CHCHD4	FUBP1	MACF1	PPP3CC
	AIF1	CHCHD5	FZD7	MAGEE1	PRKCH
	AKAP11	CHMP6	GALK1	MAN1C1	PRKCQ
	AKAP17A	CLCN6	GFM1	MANBAL	PROSER1
	ALDH1A1	CLEC3B	GGT1	MAP2K1	PTGDR
	AMMECR1	CLTB	GIMAP6	MAPRE1	PUM2
	ANKRD17	COX5B	GNA15	MARS2	PUS7
	ANKRD35	CSTF3	GNE	MBTPS1	PYCARD
	ANXA7	CX3CR1	GNPTAB	MCCC1	PYHIN1
	AP3M1	CYBA	GOLGA8B	METAP1	QKI
	ARHGAP11A	CYLD	H1-2	METTL3	RAB2A
	ARID2	CYTH1	HCFC1R1	MIDEAS	RAB37
	ARID5B	DACT1	HEATR5B	MIEN1	RABAC1
	ARL6IP4	DCDC1	HECW2	MLLT11	RABEPK
	ARPC4	DCUN1D3	HERC1	MOAP1	RALGPS1
	ASCC3	DDX21	HLA-DRA	MRI1	RAP1GAP2
	ATF4	DDX46	HNRNPD	MRPL28	RAPH1
	ATM	DDX47	HNRNPH1	MRPS11	RBM26
	ATP1B1	DEF8	HOMER3	MTX1	RCCD1
	ATP1B3	DENND2B	HOXB1	MYC	RFX5
	ATP2A2	DIPK1A	HOXD12	MYL5	RFXANK
	ATR	DNAJA3	HSD17B12	MYL6B	RIOK1
	ATXN7L1	DNAJB12	IFNA10	NANS	RMDN3
	AURKAIP1	DNMT1	IL27RA	NDUFA11	RNASE6
	AXIN2	DOCK10	ILF3	NECAP2	RNF214
	BCL11B	DOCK9	ISY1	NELFE	RPL22
	BCOR	DSC2	ITK	NELL2	RRAGA
	BRD1	DUSP6	ITPR1	NLRP12	RRAGD
	BRMS1	ECD	KCTD2	NPEPPS	RRP1B
	BTBD7	EDAR	KCTD21	NR2C1	S1PR1
	C17orf80	EHBP1	KDM2B	NR3C2	SASH1
	CA5B	ELMO2	KIAA2026	NSD1	SCAF8
	CAMSAP1	EP400	KIFBP	NSF	SCAND1
	CAND2	EPB41L5	KLF12	NUDT9	SCNM1
	CAPRIN2	EPM2AIP1	KLF2	NUP153	SECISBP2L
	CARHSP1	ETS1	KLHDC8B	NUP160	SERPINB8
	CARS2	FAF2	LAMTOR4	NUP62	SFTA2
	CASP2	FAM3B	LBHD1	OPN3	SH2B3
	CATSPER1	FAM50B	LCMT2	OSBPL3	SH3PXD2A

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Kahverengi	SIMC1	XPO4			
	SLAIN1	YIPF3			
	SLC25A15	ZBED4			
	SLC25A25	ZBTB38			
	SLC25A36	ZCCHC8			
	SLC7A6	ZDHHC3			
	SLC9B1	ZMAT5			
	SLX1B	ZNF207			
	SMARCAD1	ZNF274			
	SMYD4	ZNF491			
	SON	ZNF510			
	SPATA5L1	ZNF622			
	SRA1	ZNF789			
	SRRM1P1	ZNHIT1			
	SRSF2				
	ST3GAL3				
	ST6GAL1				
	SULT2B1				
	SUN1				
	SWI5				
	SYNCRIP				
	TAX1BP3				
	TENT4A				
	TGIF1				
	TMEM120A				
	TMEM192				
	TMEM208				
	TNF				
	TNFSF13				
	TNIP1				
	TNIP2				
	TNPO1				
	TOM1L2				
	TRAF6				
	TSPAN4				
	TTF2				
	TULP4				
	TUT4				
	TXNL4B				
	VPS25				
	VPS35				
	VPS37D				
	WASHC5				
	WDR33				
	WDR37				
	XBP1				
	XPNPEP1				

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Sarı	AAR2	DBP	JUND	POU2F2	TCF7
	ABI3	DCAF15	KANSL1	PPP1R3B	TCF7L2
	ACMSD	DCAF7	KCNH2	PPP2R1A	TECPR1
	ACTR1B	DDX39B	KCTD13	PRR12	TFAP4
	AGAP3	DERL2	KDM5C	PTPN23	TICAM1
	AGTPBP1	DGKD	KLC2	PWWP2B	TMEM109
	AHDC1	DHPS	KLC4	PYCR2	TNRC6A
	AKNA	DHX30	KLHL12	RAI1	TP53
	AKR1B1	DISP1	KPNA6	RANBP3	TP53INP1
	AKT2	DLGAP4	LARP1	RAP2B	TRIM28
	ALDH6A1	DOP1A	LCK	RAVER1	TSHZ1
	ALG8	DRAM1	LENG8	RCE1	TUBA1C
	ANXA2P1	DRG2	LINC00852	RGS2	TUBB4A
	APEH	DUSP8	LPGAT1	RHBDD3	U2AF2
	ARCN1	DYRK1B	LRBA	RHOA	UCP2
	ARHGDI	EXOSC1	MAPK7	RHOF	UPP1
	ARPC2	FAM110A	MAPK8IP3	RNF126	VAMP2
	ATN1	FAM111A	MARCKSL1	RPRD2	VDAC1
	ATXN2L	FAM189B	MID1IP1	RTL6	VIM
	BCL9L	FBXO46	MIER2	S100A6	VPS13A
	BICRAL	FTO	MPI	S100A8	WNT1
	BMP1	FXR1	MUS81	SAMD1	WTAP
	BRD4	GATAD2B	MYO1D	SART3	XAB2
	BRF1	GIPC1	NCOR2	SCAF1	XPO4
	BRF2	GMFG	NDUFAF7	SCLY	YTHDF2
	BRPF1	GNAI2	NDUFB6	SF3A2	YWHAB
	CACTIN	GRWD1	NENF	SHC1	ZBTB4
	CCNK	GTF2B	NFIC	SIT1	ZBTB7A
	CD4	GYS1	NPIPA1	SLC25A45	ZC3H4
	CD5	H3-3B	NRROS	SLC35B2	ZNF175
	CD74	HCST	NUP62	SMARCB1	ZNF20
	CDC42BPB	HDAC3	OGDH	SMARCC2	ZNF318
	CELF1	HEATR3	OSER1	SNORD35A	ZNF33A
	CENPT	HSBP1	PACS1	SP2	ZNF33B
	CEP63	HSF1	PATZ1	SPINT2	ZNF350
	CKLF	HSP90AB1	PCGF1	SRM	ZNF394
	CKS1B	HSPB1	PDE4A	SSBP3	ZNF574
	CLEC2B	HYOU1	PDGFB	SSR2	ZNF579
	CLK2	IGSF8	PEPD	STIM1	ZNF598
	CLPTM1	IL2RG	PEX14	STING1	ZNF609
	CLSTN1	IMMT	PIAS3	STXBP5	
	COP1	ING4	PIPSL	SYF2	
	CS	IRAK4	PITPNC1	SYTL1	
	CSDE1	IRF2BP1	PITPNM1	SYVN1	
	CSTF2	ISG20	PLBD2	TAF6	
	CTBP1	ISY1	PLD3	TATDN3	
	CYP4F22	JMJD4	POLB	TCF3	

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Yeşil	AAK1	IKZF3	RNF144B	USP48	
	ADA2	INO80D	RNF213	UTP23	
	AHNAK	ITPRIPL2	RO60	VTI1A	
	AMMECR1	IVD	RORA	WNT7A	
	ANG	JRK	RPAP2	ZBTB5	
	ANKRD36	KCNRG	RPRM	ZFP91	
	ANKRD36B	KIAA2026	RXYLT1	ZMYND11	
	ANXA11	KLHL28	S100A4	ZMYND8	
	ATRX	LONP2	SASS6	ZNF264	
	BAGE3	LRIF1	SEC24C	ZNF287	
	BDP1	MAGED1	SEN2	ZNF292	
	C17orf75	MED15	SH2D3A	ZNF326	
	C19orf12	METTL2A	SH3KBP1	ZNF500	
	CCNT1	MIS18A	SHPRH	ZNF565	
	CDK11A	MRE11	SLC7A5P2	ZNF699	
	CEP85L	MRI1	SMAP1	ZNHIT6	
	CERS6	MTA2	SNORD46		
	CNR2	MTPAP	SNORD48		
	CREBBP	NBL1	SNORD4A		
	CRIP2	NFAT5	SNRPD3		
	CRYZL1	NFATC2IP	SPATA13		
	CSNK1E	NIPAL3	SPG7		
	CSNK2A1	NOG	SPIN1		
	CTDSPL2	NOL9	SPOCD1		
	DCAF16	NRAS	SPTBN1		
	DDX17	NSUN5P1	STX6		
	DDX52	NUP43	TAB1		
	DNM1L	OGFRL1	TAPBP		
	DYRK2	OR2A9P	TBC1D24		
	ELF2	PCYOX1	TCF12		
	EXPH5	PDE4DIP	TGFBRAP1		
	EXTL2	PEX26	TMED4		
	FAM102A	PMS2P1	TMED9		
	FAM13B	PMS2P5	TMEM234		
	FBXO48	POGZ	TNFAIP8L1		
	FKRP	POLH	TNFRSF10A		
	FOXP1	POM121	TNIK		
	GALC	PRDM1	TNRC6B		
	GGT7	PRIM2	TRA2A		
	GNL3L	PROCA1	TRAPPC2		
	GOLGA8A	PRUNE1	TRIM52		
	GPR89B	PSMD4	TRMT2B		
	GRAP	PTP4A1	TTC5		
	GTF2F1	PTPRC	TTN		
	GVINP1	PXMP4	UBN2		
	H2BC8	RIMBP3	UBR3		
	HEXB	RNASE4	UCP3		

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Kırmızı	AGO4	H2AC18	PLAUR	WIP1	
	AKAP1	H2AC20	PLB1	WRNIP1	
	AOC1	H2BC5	PNPLA1	YIPF1	
	APEX1	H3C10	POLR1C	YIPF2	
	APH1B	H3C4	PRMT1	ZDHHC18	
	ATP6V1C1	H3C7	PRR18	ZNF329	
	BEST4	H4C8	QARS1	ZNF438	
	BIN1	HYLS1	R3HCC1L	ZNF682	
	BMX	ID2	RAB20	ZSWIM9	
	BST1	IL13RA1	RAB27A		
	CABP4	IL1R2	RAB5IF		
	CALHM2	IMP3	RALB		
	CCT7	IRAK3	RDH5		
	CD2	ITM2A	RFC2		
	CDK4	JDP2	RGL4		
	CEACAM3	KCNE3	ROPN1L		
	CEMIP2	KCNJ15	SCCPDH		
	CHMP3	KLRG1	SEC31A		
	CLEC4E	KLRG2	SIPA1L2		
	CMTM1	LAT	SLA		
	CSF2RA	LBH	SLC22A15		
	CSNK2A2	LEF1	SLC22A4		
	CXXC5	LIN7A	SLC25A5		
	CYSTM1	LMNB1	SLC26A8		
	DDAH2	LST1	SLC6A13		
	DDIT3	MAP3K1	SMARCD3		
	DIP2A	MBOAT2	SNUPN		
	DNAJC3	MCEMP1	SPIB		
	ECHDC3	MRPS27	SRXN1		
	EID2B	MSRB2	ST3GAL5		
	ENTPD1	MTA1	STX3		
	FADD	MTARC1	SUMF2		
	FAM180B	NAMPT	SUPT4H1		
	FAM209B	NCF4	TAS2R10		
	FBLN5	NLRC4	TGFA		
	FBXL16	NMT2	TLE5		
	FCRL3	NOP56	TMEM203		
	FLT3LG	NR1D2	TMEM223		
	FOXC1	NT5C2	TMEM91		
	GADD45G	NUDT16	TMLHE		
	GK	NUP50	TMUB2		
	GLOD4	OSBPL1A	TNFRSF25		
	GPR141	OSM	TNNI2		
	GPR63	PANX2	TPST1		
	GRAMD1A	PEX11B	TRIB1		
	GRAP	PHC2	TYROBP		
	GRB10	PHTF1	VLDLR		

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Siyah	ABCC13	HOMER2	TBCEL		
	ABLM3	IFIT3	TFPI		
	ACRBP	IFIT5	TM4SF1		
	AIM2	ITGB5	TMEM158		
	ALAS2	KCMF1	TMEM183B		
	ANKRD9	KMT2E	TMEM259		
	AQP10	KYNU	TNFSF10		
	ARHGAP21	LHFPL2	TNFSF13B		
	BAD	LRIG2	TOR1B		
	BATF2	MARCO	TP53I3		
	BCOR	MCUR1	TREML1		
	BMP2K	METTL22	TRIM6		
	BMP6	MFAP3L	TSPAN33		
	BNIP3L	MGST1	UBE2F		
	BSDC1	MKKS	VAMP1		
	BST2	MPDU1	WDR19		
	C1QB	MS4A4A	WDR59		
	CBX7	MSI2	YAF2		
	CDK13	MTURN	YOD1		
	CDKN1A	NDUFAF3	ZNF185		
	CETP	NSUN3	ZNF263		
	CIDECP1	NT5M	ZNF696		
	CISD2	OASL	ZSCAN18		
	CLDN5	PCSK6			
	CLEC1B	PCTP			
	CORO1C	PLOD2			
	CREG1	POC1B			
	CTNNAL1	PRDX5			
	DAP	PROS1			
	DKK3	PTCRA			
	EFCAB14	PTGS1			
	ERMAP	RAB32			
	ETV7	RAB6A			
	EXOC3L1	RABIF			
	FAHD1	RASGRP2			
	FBXO6	RBM10			
	FRYL	RFESD			
	FUCA2	RGS10			
	FXVD5	RHD			
	FZD3	RNF175			
	GARRE1	SAMD14			
	GAS6	SCGB1C1			
	GFUS	SELENOK			
	GP9	SEPTIN4			
	H2AC11	SEPTIN5			
	HBBP1	SH3BGR2			
	HGD	SRSF5			

Ek-1A: GSE25101 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Pembe	ABCA5	PMS2P2			
	ABLM1	POLDIP3			
	ADD3	PRELID1			
	ANAPC11	PSMD13			
	ATOX1	SCAND2P			
	ATP8B2	SEC63			
	AVL9	SLC39A13			
	BATF	SLFN5			
	BGLAP	SLTM			
	C1orf56	UBXN7			
	CASP2	VHL			
	CBFA2T2	ZFAND2A			
	CTBP1	ZFP36L2			
	DDB1	ZNF655			
	DGKA				
	DHX57				
	DNMT3A				
	DVL1				
	EBAG9				
	EIF4EBP2				
	ELMO1				
	EXOC4				
	FGGY				
	FRYL				
	GGA1				
	GIN5				
	GPR89A				
	GPR89B				
	GTF2I				
	GUSBP14				
	GUSBP15				
	GUSBP2				
	H2AC8				
	HERPUD2				
	HOOK3				
	IFI30				
	IL6ST				
	LBH				
	LRRC37BP1				
	M6PR				
	MACF1				
	MFSD14A				
	NBPF10				
	NFX1				
	OPN3				
	PABPC3				
	PEDS1				

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	AARS1	ANKRD39	ATP5PB	CA5B	CFAP298
	AARS2	ANKRD46	ATP5PD	CACYBP	CFAP36
	AASDHPPT	ANP32A-IT1	ATP5PF	CALCOCO1	CHCHD2
	ABCF1	ANTKMT	ATP5PO	CAMK1D	CHCHD2P9
	ABHD14A	ANXA11	ATP6V0E2	CARD11	CHCHD3
	ABHD16A	ANXA2R	ATP6V1E2	CARD16	CHCHD4
	ABRAXAS2	ANXA7	ATPAF1	CASC3	CHMP4A
	ABTB1	AOC3	ATRAID	CASP8	CHMP5
	ACAA2	AP1B1	AZIN1	CBLL1	CIAO2A
	ACADM	AP1M1	B4GALT7	CBX5	CIAO2B
	ACAT1	AP5B1	B4GAT1	CBY1	CIB1
	ACAT2	APBB1IP	BAG2	CCDC102A	CKS1B
	ACBD6	APEX1	BANF1	CCDC106	CKS2
	ACIN1	APIP	BCAS4	CCDC115	CLDN9
	ACKR3	APOBEC3A	BCCIP	CCDC12	CLNS1A
	ACSL5	APOL3	BCDIN3D	CCDC127	CLPP
	ACTG1	APRT	BCKDHA	CCDC25	CLTA
	ACTL6A	ARF4	BCL2L12	CCDC28B	CLUAP1
	ACTN1	ARFGAP2	BCL7B	CCDC50	CLYBL
	ACTR6	ARHGAP17	BCL7C	CCDC59	CMC1
	ACYP2	ARHGEF1	BET1	CCNB1IP1	CMC2
	ADCK2	ARL14EP	BEX2	CCNC	CMTM7
	ADD3	ARL2	BEX4	CCNQ	CNBP
	ADK	ARL2BP	BICD2	CCR2	CNIH1
	ADPGK	ARL5A	BIRC2	CCT2	CNOT11
	ADSL	ARMC10	BLMH	CCT3	CNOT2
	ADSS2	ARPC3	BLOC1S4	CCT6A	CNOT7
	AFG3L2	ARPC5L	BMS1	CCT7	CNOT9
	AGAP4	ARRB2	BOD1	CD3D	CNPY2
	AIFM1	ASAP1	BOLA2	CD48	CNPY4
	AIMP2	ASB1	BOLA3	CD7	COA3
	AKAP13	ASCC1	BOP1	CD83	COG2
	AKAP7	ASMTL	BRD2	CD86	COMMD1
	AKIP1	ASPSCR1	BRD9	CD96	COMMD10
	AKIRIN1	ASTE1	BRIX1	CD99L2	COMMD3
	AKR1B1	ATG16L2	BRPF1	CDC26	COMMD6
	AKR7A2	ATG4B	BTBD1	CDC37	COMMD7
	AKT1	ATIC	BTBD2	CDC42SE2	COMMD8
	ALDH9A1	ATP1A1-AS1	BUD23	CDCA4	COPA
	ALDOC	ATP5F1A	C12orf57	CDK4	COPS4
	ALG13	ATP5F1B	C12orf65	CDK5RAP1	COPS5
	ALG3	ATP5F1C	C19orf53	CDKN2D	COPS8
	ALKBH5	ATP5IF1	C1orf109	CDR2	COQ3
	ALYREF	ATP5MC1	C1orf162	CEACAM1	COQ5
	ANAPC10	ATP5MC2	C1QBP	CENPB	COX10
	ANAPC11	ATP5ME	C3orf38	CENPX	COX14
	ANKRD13D	ATP5MF	C6orf226	CEP162	COX16
	ANKRD16	ATP5MG	C8orf33	CEP295	COX17

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	COX20	DDX46	EEF1E1	FAM110A	GLOD4
	COX4I1	DDX47	EEF1G	FAM133B	GLRX3
	COX5B	DDX50	EHBP1L1	FAM136A	GLT8D1
	COX6A1	DEDD	EI24	FAM162A	GMDS
	COX6C	DEF8	EID2	FAM189B	GMPS
	COX7A2	DENND3	EID3	FAM193B	GNE
	COX7A2L	DEXI	EIF2B3	FAM241B	GNL1
	COX7B	DGCR6	EIF3A	FAM3C	GNL2
	COX7C	DGCR6L	EIF3F	FANCE	GNPDA1
	COX8A	DGLUCY	EIF3G	FARS2	GNPDA2
	CPSF3	DGUOK	EIF3H	FAS	GON7
	CRBN	DHX15	EIF3I	FASN	GORASP2
	CRLS1	DIABLO	EIF3L	FASTK	GPATCH4
	CRTAP	DICER1	EIF3M	FASTKD3	GPD1L
	CRYZ	DIMT1	EIF4A1	FAU	GPN1
	CS	DIS3L	EIF4A3	FBL	GPN2
	CSAD	DMAP1	EIF4EBP2	FBR3	GPR18
	CSDE1	DNAJA3	ELOC	FBXO21	GPR183
	CSE1L	DNAJB6	ELP3	FCGR3B	GPR89A
	CSNK1D	DNAJC27	ELP6	FCHO1	GPS1
	CSNK1E	DNAJC8	EMC4	FERMT3	GSPT2
	CSTF3	DNAJC9	EMC6	FIBP	GSTP1
	CTNNBL1	DNLZ	EMC7	FKBP1A	GTF2A2
	CUL5	DNM2	EMD	FLAD1	GTF2B
	CUTA	DNMT1	EMG1	FMC1	GTF2E2
	CWC27	DOK3	EMP3	FN3KRP	GTF3C6
	CXCR4	DOLPP1	ENDOG	FNTA	GTPBP3
	CYB5B	DPH2	ENO1	FOXO1	GTPBP4
	CYBC1	DPH5	ENOPH1	FTH1P12	GTPBP6
	CYCS	DPM1	ENSA	FTSJ1	GTPBP8
	CYCSP55	DPM3	ENY2	FUBP3	H2AC18
	CYFIP2	DPY30	EPB41L4A-AS1	FXR1	H2BC21
	CYP20A1	DRG1	EPOR	GABARAPL1	HACL1
	DAD1	DUSP12	EPRS1	GAMT	HADH
	DAPP1	DUSP28	ERH	GAR1	HADHA
	DARS1	DUT	ERI3	GATB	HARS1
	DBI	DYNC1I2	ERP29	GATD3A	HAT1
	DBNDD2	DYRK1A	ESD	GCH1	HAUS1
	DBT	DYRK2	ETFB	GDI1	HAUS7
	DCK	EBAG9	EVI2B	GDPD3	HCST
	DCTD	EBNA1BP2	EXOC1	GEMIN2	HDAC1
	DCTN2	EBP	EXOSC1	GEMIN4	HDDC2
	DCTN6	ECH1	EXOSC10	GEMIN6	HDHD2
	DCTPP1	ECHS1	EXOSC2	GGCT	HDHD5
	DCUN1D5	ECI2	EXOSC3	GIMAP1	HEATR1
	DDA1	EED	EXOSC7	GIMAP2	HIBADH
	DDB1	EEF1A1	EXOSC9	GIMAP6	HIC2
	DDOST	EEF1AKNMT	EXT2	GIMAP7	HIGD1A
	DDT	EEF1B2	EZR	GLG1	HIGD2A
	DDX19B	EEF1D	FAAP100	GLO1	HINT1

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	HINT2	JUND	LY9	MKNK1	MRPS30
	HIRIP3	KANSL2	LYPLA1	MKNK2	MRPS31
	HLX	KAT14	LYRM2	MLF2	MRPS35
	HMCES	KATNBL1	M6PR	MNAT1	MRPS6
	HMG1	KATNIP	MAD2L1BP	MOAP1	MRPS7
	HMG2	KCTD13	MAD2L2	MOCS2	MRPS9
	HMG4	KDM1A	MAFF	MORC2-AS1	MRRF
	HNRNPA0	KHDRBS1	MAGED1	MPHOSPH10	MRTO4
	HNRNPA1	KHNYN	MAGEH1	MRFAP1L1	MSANTD4
	HNRNPA1P4	KIAA0319L	MAGOH	MRGBP	MSTO1
	HNRNPA2B1	KIAA0586	MAIP1	MRM3	MT1F
	HNRNPAB	KLHDC3	MALSU1	MRPL11	MT1X
	HNRNPD	KLHL22	MAN1B1	MRPL13	MTERF3
	HNRNPM	KMT2B	MAN2A2	MRPL14	MTFP1
	HNRNPR	KPNA6	MANF	MRPL15	MTHFD2
	HNRNPUL1	KRT10	MAP1LC3A	MRPL17	MTIF2
	HPRT1	KRTCAP2	MAP4K1	MRPL18	MTMR3
	HPS5	L3MBTL2	MAPKAPK5	MRPL19	MTPN
	HPS6	LAGE3	MAPKAPK5-AS1	MRPL20	MTRES1
	HSD17B10	LAMTOR2	MAT2B	MRPL21	MTREX
	HSD17B8	LANCL2	MATK	MRPL22	MTX2
	HSF2	LAS1L	MATR3	MRPL23	MUL1
	HSP90AA1	LBH	MBD6	MRPL24	MUTYH
	HSPA14	LBR	MCEE	MRPL27	MVP
	HSPA4	LCK	MCM3	MRPL32	MZT1
	HSPA9	LCMT1	MCRIP2	MRPL33	N4BP2L2
	HSPB11	LCOR	MCRS1	MRPL34	NAA20
	HSPE1	LDHA	MCTS1	MRPL35	NACA4P
	ICAM2	LHFPL2	MDH1	MRPL36	NAE1
	IDH3B	LILRB3	MDP1	MRPL37	NAPA
	IDNK	LIX1L	MED10	MRPL39	NAPEPLD
	IER3IP1	LPAR2	MED20	MRPL41	NARS1
	IFI27L1	LPIN1	MED29	MRPL43	NAT10
	IL21R	LPIN2	MEGF9	MRPL45	NAXE
	IL23A	LPP	METTL1	MRPL46	NBEAL2
	IL32	LPXN	METTL18	MRPL47	NBPF8
	ILF2	LRFN3	METTL23	MRPL50	NCBP2
	ILVBL	LRRRC41	MEX3C	MRPL51	NCF4
	IMMP2L	LRRFIP1	MFNG	MRPL52	NCK1
	IMP3	LSM1	MFSD1	MRPL54	NDUFA1
	IMP4	LSM14A	MGST3	MRPS10	NDUFA10
	INTS9	LSM2	MICAL1	MRPS11	NDUFA11
	IP6K1	LSM3	MICOS13	MRPS12	NDUFA12
	IRF2	LSM4	MIEF1	MRPS16	NDUFA7
	ISOC1	LSM7	MIF	MRPS17	NDUFA8
	ISY1	LSM8	MIF4GD	MRPS18A	NDUFA9
	ITGAX	LTA	MINDY1	MRPS18C	NDUFAF2
	ITM2A	LTB	MIR488	MRPS21	NDUFAF4
	IVNS1ABP	LTV1	MIR607	MRPS22	NDUFB10
	JMJD8	LUZP1	MIS12	MRPS26	NDUFB11

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	NDUFB2	NUP107	PHKA2	PRICKLE4	RAB24
	NDUFB5	NUP37	PHPT1	PRKACB	RAB28
	NDUFB7	NUP54	PIAS1	PRKD2	RAB33A
	NDUFB8	NUP62	PIGC	PRKRA	RAB37
	NDUFB9	NXT1	PIGK	PRMT1	RAB5C
	NDUFS3	OARD1	PIGP	PRMT6	RABEPK
	NDUFS4	OCIAD2	PIGU	PRNP	RABGGTB
	NDUFS5	OGFOD1	PIGY	PRPF4	RABL2B
	NDUFS7	OGFOD3	PIN1	PRPS1	RACK1
	NDUFS8	OGFR	PJA1	PRPS2	RAD17
	NEDD1	OPA3	PLAC8	PRPSAP1	RAD51C
	NEDD8	OR2A42	PLCB2	PRPSAP2	RALBP1
	NENF	OSBP	PLEKHA3	PRRG4	RAN
	NFX1	OSTC	PLEKHF2	PSMA1	RANBP1
	NGDN	OSTCP1	PLRG1	PSMA2	RANGAP1
	NGRN	OTUD5	PLSCR3	PSMA4	RAP1GDS1
	NHP2	OXLD1	PMPCB	PSMA6	RASGRP1
	NICN1	P2RX1	PMS2P5	PSMB1	RASSF5
	NIF3L1	PAAF1	PMVK	PSMB2	RASSF7
	NIFK	PABPC4	PNO1	PSMB5	RBCK1
	NIP7	PAFAH1B3	PNPLA4	PSMB6	RBIS
	NIPSNAP1	PAGR1	PNPO	PSMB7	RBM14
	NIT2	PAK1IP1	PNRC2	PSMC1	RBMX
	NMD3	PAN3	POLA2	PSMC2	RC3H2
	NME1	PARL	POLE3	PSMC3	RCC2
	NME1-NME2	PARVG	POLR1C	PSMC4	RCN2
	NMT2	PBDC1	POLR1E	PSMC5	RDH14
	NOA1	PCCB	POLR2D	PSMC6	REM2
	NOD2	PCID2	POLR2F	PSMD10	REPIN1
	NOL11	PCMTD1	POLR2G	PSMD14	RESF1
	NOL7	PDCD2	POLR2M	PSMD8	RETREG1
	NOP16	PDCD2L	POLR3F	PSMG1	REV1
	NOP53	PDCD5	POLR3GL	PSMG2	REXO4
	NOP56	PDCD6	POLR3H	PSMG4	RFC5
	NPL	PDCL3	POM121C	PTBP1	RGL2
	NR2C2AP	PDE4B	POMGNT1	PTCD1	RHEB
	NRAS	PDHA1	POR	PTGES2	RHNO1
	NRDC	PDHB	PPA1	PTK2B	RHOT1
	NRDE2	PDXDC1	PPA2	PTMA	RIOK1
	NSA2	PDXP	PPHLN1	PTPMT1	RIOK2
	NSDHL	PES1	PPIA	PTPN12	RITA1
	NSMCE1	PEX16	PPIAL4A	PTPN2	RNASEL
	NSMCE2	PEX5	PPIE	PTPRCAP	RNF121
	NSMCE4A	PFDN1	PPIH	PUF60	RNF144A
	NTHL1	PGAM1	PPM1G	PUM1	RNF149
	NUBP1	PGRMC2	PPP1CC	PUS1	RNF216
	NUCKS1	PHACTR4	PQBP1	PVRIG	RNF220
	NUDC	PHAX	PRDM4	QARS1	RNF7
	NUDCD2	PHB	PRDX1	QRICH1	RNLS
	NUDT9	PHF20L1	PRDX3	R3HCC1	ROCK2

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	RP9	RPS15A	SCYL2	SMARCA4	SUCLG1
	RPA2	RPS16	SDF2L1	SMG7	SUCLG2
	RPA3	RPS17	SDHA	SMIM11A	SUMF2
	RPAIN	RPS2	SDHAF2	SMIM19	SUMO2
	RPF2	RPS20	SDHAF3	SMOX	SUMO3
	RPL10A	RPS21	SDR39U1	SNAP23	SUN2
	RPL11	RPS24	SEC14L1	SNAPC3	SUPT3H
	RPL12	RPS25	SEC22C	SNHG15	SUSD3
	RPL12P6	RPS27	SEC61A1	SNHG29	SUV39H1
	RPL13	RPS27A	SEC61G	SNHG32	SYF2
	RPL13A	RPS27L	SELENOS	SNHG6	SYNCRIP
	RPL13P5	RPS29	SEM1	SNIP1	SYPL1
	RPL14	RPS3	SEMA4C	SNRNP25	TACO1
	RPL14P1	RPS3A	SEPHS1	SNRNP27	TAF1B
	RPL15	RPS4X	SEPTIN9	SNRPB	TAF6L
	RPL17	RPS5	SERGEF	SNRPB2	TAF9
	RPL18	RPS6	SETD3	SNRPC	TAF9B
	RPL18A	RPS6KA5	SF3A3	SNRPD2	TAGLN2
	RPL19	RPS6P1	SFR1	SNRPD3	TAPBP
	RPL22	RPS8	SFXN4	SNRPF	TARBP2
	RPL23	RPS9	SHPK	SNRPG	TASP1
	RPL24	RPUSD2	SIGIRR	SNRPN	TATDN1
	RPL26	RPUSD3	SIGLEC5	SNU13	TBC1D3B
	RPL27	RPUSD4	SIK3	SNURF	TBCA
	RPL27A	RRAS2	SIL1	SNX17	TBCE
	RPL3	RRP15	SIN3B	SNX4	TCEA1
	RPL30	RRP36	SIRT4	SP100	TCEAL4
	RPL31	RSL24D1	SIVA1	SPCS2	TCEAL8
	RPL32	RTCB	SKAP1	SPG11	TCF25
	RPL35	RTRAF	SLA	SPHK2	TCIRG1
	RPL35A	RTTN	SLAIN1	SPI1	TCP1
	RPL36	RUSF1	SLAMF1	SPOUT1	TFB2M
	RPL36AL	RUVBL1	SLC10A7	SPTLC1	TGS1
	RPL39	RWDD1	SLC25A19	SRP14	THAP1
	RPL4	RWDD4	SLC25A22	SRP14P1	THAP11
	RPL41	RXYLT1	SLC25A24	SRP9	THEM6
	RPL5	RYK	SLC25A25	SRPRB	THEMIS
	RPL6	S100A10	SLC25A3	SRRT	THOC3
	RPL7L1	SAE1	SLC25A5	SRSF5	THYN1
	RPL8	SAMM50	SLC25A6	SS18L2	TIGD5
	RPL9	SAR1B	SLC2A4RG	SSB	TIMM21
	RPLP0	SARNP	SLC37A4	SSBP1	TIMM23
	RPLP1	SARS1	SLC3A2	SSR2	TIMM8A
	RPLP2	SARS2	SLC41A3	SSRP1	TMA7
	RPS10	SAYSD1	SLC66A3	STAT5B	TMCO1
	RPS11	SBDS	SLC9A3R1	STK39	TMED10P1
	RPS13	SBDSP1	SLC9A8	STX10	TMED3
	RPS14	SCAMP3	SLIRP	STX5	TMEM126B
	RPS15	SCARNA3	SLK	STX8	TMEM138

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	TMEM141	TRMT5	UTP11	ZMIZ1	
	TMEM14A	TSC22D3	UTP18	ZMYM6	
	TMEM14B	TSC22D4	UTP3	ZNF134	
	TMEM14C	TSEN15	UTP4	ZNF16	
	TMEM14DP	TSPAN3	UXT	ZNF17	
	TMEM150A	TSPAN31	VAMP4	ZNF207	
	TMEM160	TSR2	VAMP8	ZNF22	
	TMEM19	TTC27	VAR51	ZNF277	
	TMEM203	TTC4	VCP	ZNF428	
	TMEM230	TTLL3	VEGFB	ZNF511	
	TMEM256	TUBA1B	VKORC1	ZNF571	
	TMEM258	TUBB	VNN2	ZNF593	
	TMEM41A	TUBG1	VPS13B	ZNF615	
	TMEM42	TXLNA	VPS35	ZNF621	
	TMEM88	TYSND1	VPS51	ZNF627	
	TMEM9	UBA3	WAC	ZNF658	
	TMEM99	UBA52	WBP2	ZNF668	
	TMEM9B	UBAC2	WDCP	ZNF672	
	TMSB10	UBALD2	WDR18	ZNF689	
	TMUB2	UBE2G1	WDR33	ZNF706	
	TNFAIP8	UBE2G2	WDR4	ZNF777	
	TNFRSF10C	UBE2N	WDR54	ZNF816	
	TOMM20	UBE2V2	WDR61	ZNHIT2	
	TOMM22	UBE2W	WDR74	ZNHIT3	
	TOMM40	UBE3A	WDR92	ZNHIT6	
	TOMM5	UBE3B	WTAP	ZSCAN2	
	TOMM6	UBE4A	XBP1	ZSWIM8	
	TOMM7	UBIAD1	XRCC6	ZW10	
	TP53INP2	UBQLN4	YARS1		
	TP53RK	UBXN1	YARS2		
	TPD52L2	UCHL5	YIF1A		
	TPM3	UFC1	YJU2		
	TRA2B	UFM1	YRDC		
	TRAFD1	UFSP2	YWHAZ		
	TRAK1	UGP2	ZBTB14		
	TRAPPC14	UPF2	ZBTB34		
	TRAPPC2B	UPRT	ZBTB45		
	TRAPPC2L	UQCC1	ZC3H8		
	TRAPPC4	UQCC2	ZC3HC1		
	TRAPPC6A	UQCRB	ZCCHC9		
	TRAT1	UQCRFS1	ZDHHC16		
	TREML2	UQCRH	ZDHHC4		
	TRIAP1	UQCRHL	ZDHHC9		
	TRIM21	UQCRQ	ZFAND6		
	TRIM38	URI1	ZFC3H1		
	TRIM4	URM1	ZFP82		
	TRIM56	USE1	ZFP90		
	TRIM68	USO1	ZFYVE16		
	TRMT112	USP32	ZHX3		

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Mavi	ABCA1	C15orf39	DCP2	HIF1A	LPAR5
	ABHD17AP1	C16orf72	DCTN4	HIP1	LRP10
	ABHD5	C1RL	DDX55	HK2	LRRRC25
	ACAP2	C3orf62	DENND5A	HK3	LRRK2
	ACP1	C5AR1	DGAT2	HLX	LTBR
	ACSL1	C9orf72	DGCR2	HSPA6	LYN
	ACSL4	CAMK1D	DIP2B	HSPA7	MAP2K4
	ACTN4	CAMK2G	DNAJC5	ICAM3	MAP3K11
	ADA	CANT1	DOCK5	IFNAR1	MAP3K2
	ADAM19	CBL	DSE	IFNAR2	MAP3K3
	ADAM8	CCNJL	DYSF	IFNGR2	MAP3K5
	ADAR	CCNY	E2F3	IFRD1	MAP4K4
	ADGRE3	CCPG1	EGLN1	IGF1R	MAPK3
	ADGRE5	CD69	ELL	IGF2R	MARCKS
	ADGRG3	CD93	ETS2	IGSF6	MAST3
	ADM	CDA	EXOC6	IL17RA	MBOAT7
	AGO4	CDC16	EXTL3	IL1RAP	MCEMP1
	AGTPBP1	CDC42SE1	F5	IL1RN	MCL1
	AHCTF1	CDK19	FAM126B	IL6R	MDH2
	AKIRIN2	CEBPD	FAM160B1	IQGAP1	MED13L
	ALPK1	CEP63	FAM50A	IQSEC1	MEFV
	ANKRD13A	CFLAR	FAM8A1	IRAG2	MEGF9
	ANPEP	CHPF2	FBXL5	IRS2	MGAM
	ANXA11	CHST15	FBXO11	ITGAM	MICU1
	ANXA3	CKAP4	FCGR2A	ITM2B	MME
	APAF1	CLIP1	FCHO2	ITPK1	MNT
	APMAP	CNPY3	FGR	ITPRIP	MSL1
	ARAP1	COP1	FLII	JAK2	MTO1
	ARAP3	CORO1C	FLOT1	JAML	MX2
	ARF3	CPD	FMNL1	JMJD1C	MXD1
	ARFIP1	CPEB2	FNDC3B	JUNB	MYADM
	ARHGAP19	CPPED1	FNIP1	KBTBD7	MYD88
	ARHGAP25	CPSF4	FRAT1	KCNJ15	MYO1F
	ARHGAP9	CR1	FRY	KCNJ2	N4BP1
	ARID3A	CREB5	FYB1	KDM3B	NAB1
	ARMCX6	CREBBP	GAA	KDM4B	NADK
	ASAP1	CRISPLD2	GAB2	KDM5B	NCF1C
	ASPRV1	CSF3R	GBA	KDM6B	NCF4
	ATP2B1	CTBS	GCA	KIAA0232	NCOA1
	B4GALT5	CXCR1	GLT1D1	KIAA0513	NDEL1
	BASP1	CXXC1	GMPR2	KLHL2	NDST1
	BAZ1A	CYB5R4	GPAT3	KPNA1	NDUFA3
	BAZ2B	CYBB	GPSM3	LAMP2	NEDD9
	BCL2A1	CYP4F3	GRB2	LAT2	NFE2L2
	BCL3	CYRIB	GRN	LCP1	NFKB2
	BCL6	CYSTM1	GTF2IP1	LILRA5	NFKBIZ
	BMX	CYTH4	HBP1	LIMK2	NHS
	BTBD6	DBNL	HCK	LITAF	NIBAN1

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Mavi	NIN	PPP4R1	SEMA4D	TIMP2	ZFYVE16
	NIPBL	PRAM1	SERPINA1	TLE3	ZNF106
	NLRC4	PREX1	SH3BP5L	TLE4	ZNF281
	NLRP12	PTEN	SHKBP1	TLR1	ZNFX1
	NOTCH2	PTGER2	SHOC2	TLR4	ZSWIM6
	NPRL2	PTGS2	SIRPA	TLR5	ZYX
	NRBF2	PTPRE	SIRPB1	TLR6	
	NT5C2	PTTG1IP	SKAP2	TMCC3	
	NUAK2	PXN	SLC12A6	TMEM126B	
	NUMB	PYGL	SLC15A4	TMEM154	
	NUP214	RAB11FIP1	SLC16A3	TMEM170B	
	OS9	RAB24	SLC19A1	TMEM184B	
	OSBPL11	RAF1	SLC22A4	TMX4	
	OSBPL2	RALB	SLC25A42	TNFAIP2	
	OSBPL8	RAPGEF2	SLC2A14	TNFRSF1A	
	OSCAR	RARA	SLC2A3	TNFSF10	
	PACSIN2	RASSF2	SLC36A1	TNFSF14	
	PAK1	RB1CC1	SLC45A4	TOPORS	
	PAK2	RBM23	SLCO3A1	TP53INP1	
	PAPOLA	RBM47	SLK	TRANK1	
	PCNX1	RBP7	SLMAP	TRIB1	
	PDLIM7	REPS2	SMAP2	TRIM25	
	PDZD8	RERE	SMCHD1	TRIM27	
	PECAM1	RESF1	SNRK	TRPC4AP	
	PELI1	RFFL	SNX13	TSEN34	
	PELI2	RFLNB	SORL1	TSHZ3	
	PFKFB3	RGS2	SP3	TUT7	
	PGD	RHOB	SPAG9	TXNRD1	
	PGLYRP1	RMI1	SPAST	UBE4B	
	PGS1	RNASEL	SPOPL	UBR2	
	PHC2	RNF13	SRPK1	UBXN2B	
	PHF2	RNF135	SSH2	UPF2	
	PHF20L1	RNF141	ST3GAL4	USP15	
	PHF21A	RNF144B	ST8SIA4	USP3	
	PICALM	RNF149	STAT3	VASP	
	PIK3CD	RNF19B	STK10	VCAN	
	PILRA	RNF216P1	STK25	VDAC3	
	PIP4P2	RNF24	STK3	VPS37B	
	PISD	RPGR	STK40	VPS8	
	PKN2	RRAGD	STX11	WAC	
	PLEKHO2	RTN3	STX3	WAS	
	PLIN4	RUBCNL	SULF2	WIPF1	
	PLPPR2	RXRA	SUSD6	WTAP	
	PLXDC2	S100A12	SVIL	WWC3	
	PLXNC1	SBNO2	SYK	XKR8	
	POLR2H	SDCBP	TBC1D14	XPO6	
	POLR3C	SELL	TBC1D24	YIPF1	
	PPFIA1	SELPLG	TDP2	ZBED5	
	PPP1R3D	SEMA4A	TGFA	ZDHHC18	
	PPP2R5A	SEMA4B	TGFR2	ZFAND3	

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Kahverengi	ABHD18	CYCSP55	GOLGA8B	MYO3B	RNY3
	ABRAXAS1	CYTOR	GRIPAP1	NACA	RPL38
	ADAM17	DAPP1	GSTTP2	NDUFA2	RPS12
	ADH4	DCLRE1C	HACD4	NDUFAF7	RPS3A
	ADNP	DDX17	HBA2	NFATC3	RRP7BP
	AFMID	DDX51	HBB	NFYB	RSRP1
	AKAP17A	DENND4B	HECTD2	NKTR	RTN3
	ALPP	DENR	HNRNPU	NLRP1	SDHB
	AMY2A	DIABLO	HSD17B7	NPIP15	SEC11A
	AMY2B	DISC1	HYKK	NXF1	SEMA3E
	ANKRD44	DMC1	HYPK	NXNL1	SF3B1
	ANXA2	DMTF1	IL17RD	OCIAD1	SHROOM4
	ARL16	DNAH6	IL18	OGA	SLC16A12
	ATG10	DNAJC28	INIP	OGT	SLC25A20
	ATP6AP2	DNAJC30	ITPK1-AS1	PATE2	SLC35E1
	BCOR	DTWD2	JHY	PATJ	SLC5A8
	BCYRN1	DUSP19	KCNH6	PCYOX1	SMCR5
	BIN3-IT1	DUXAP3	KCNK6	PDCD7	SMG1
	BIRC3	EID2B	KIAA0408	PDE4C	SND1-IT1
	BLOC1S6	EIF2AK4	KLHL28	PDE7A	SNORA25
	BLZF1	ERAP2	KLRB1	PGM5-AS1	SNRNP70
	BMS1P1	EVI5	LACTB	PHAX	SNX29P2
	BSDC1	EVI5L	LILRB1	PHIP	SPTLC1
	C18orf25	EXO5	LINC00114	PLD3	SS18L1
	C21orf58	FAM111A	LMOD3	PNISR	SSTR2
	C2orf69	FAM156B	LRRC37A4P	PNN	STAG3L2
	CATSPER2	FAM177A1	LRRC37BP1	POFUT1	STAG3L3
	CBX1	FAM200A	LSMEM1	PPA2	SUGP2
	CCBE1	FARSB	LUC7L3	PPM1B	SULT1A1
	CCDC125	FCAR	MACROH2A1	PPM1K	SYNJ2BP
	CCNL1	FKBP14	MAGT1	PRPF3	SYTL1
	CCR6	FMC1	MAPK8IP3	PRPF4B	TARDBP
	CD44	FRMD6-AS1	MAPRE1	PSMD12	TBC1D32
	CDK5RAP3	FUT6	MBD4	PTBP2	TCAF1
	CDKN2AIPNL	FYN	MBOAT2	PTGR2	TCAF2
	CENPT	GABPB1	MBTD1	PTP4A2	TDP1
	CEP19	GALK2	MCM8	QRFPR	TDRD1
	CES2	GALNT3	MCMD2C2	RAB12	TIA1
	CFAP74	GANAB	MED28	RAD51	TIAL1
	CHRNA5	GCLM	METTL21A	RADIL	TMEM17
	CLK1	GDPD1	MFSD11	RASSF6	TNC
	CLK4	GGA1	MFSD14C	RAX2	TNFSF15
	CLUAP1	GHITM	MFSD5	RBM25	TRIM13
	COA8	GIMAP4	MIA2	RBM6	TTC14
	CRCP	GJC1	MIGA1	RHBDL2	TUBGCP6
	CREB1	GLTP	MPHOSPH8	RN7SL1	UNKL
	CROCCP2	GNB4	MSH3	RNF213	USP49
	CRYZL1	GOLGA6L6	MYL12B	RNPC3	VPS9D1

[illegible]

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Sarı	ABCD1	DOCK8	LTO1	PRRC2A	STAG2
	ACTB	DPP7	LYST	PTBP3	STARD3
	ADAP1	DPYD	MAN2A1	PTPN6	STAT5A
	ADRM1	E4F1	MAP2K4	PUM2	STK17B
	AGPAT1	ECI1	MARK2	RAB33B	STK38
	AGTPBP1	EDEM3	MCM7	RAB5C	STX6
	AKNA	EIF4G2	MED16	RAB8B	STXBP2
	ALAD	EP300	MEF2D	RASAL3	SUPT5H
	ALDOA	EPB41L3	MGRN1	RASGRP4	SYNJ1
	ANTXR2	EPHB1	MIS18BP1	RASSF2	TAB2
	AP1G1	FAM170B	MOB3C	RASSF5	TADA2B
	APLP2	FAM53B	MRTFA	RBM42	TAPBP
	ARAF	FAR1	MSN	RFX1	TCEA1
	ARFGEF1	FBXL3	MTF1	RIN3	TEDC1
	ARHGAP30	FEM1C	MXD4	RNASEK	TJAP1
	ARHGAP45	FEZ2	MYH9	RNF126	TMEM250
	ARIH2	FKBP1A	MYO9B	ROCK1	TNFRSF14
	BAZ1A	FLNA	NCOA1	RPP21	TOR1AIP1
	BICRAL	FOXN3	NCOR2	RPS6KA4	TRIM24
	BRD3	G6PD	NDST2	RPS6KB2	TRPT1
	BRI3	GAK	NELFB	RTN4	TSNAX
	BRMS1	GATAD2B	NMT1	RXRB	TTYH3
	C6orf136	GLYR1	NOL12	S1PR4	UBA1
	CALM3	GMIP	NOP2	SAFB	UBR4
	CAPZA2	GNA13	NPEPPS	SASH3	UGGT1
	CBL	GNAI2	NPTN	SDF4	UHRF1BP1L
	CCDC92	GNB2	NT5C	SEC16A	UNC13D
	CCDC97	GORASP1	NUP153	SEMA4D	UROS
	CCNK	GPBP1	NUP42	SERINC1	USF2
	CD44	GPBP1L1	OGDH	SH2B3	USP6
	CDC42	HCFC1R1	OSBPL8	SH2D3C	USP8
	CEP350	HELZ	OSTM1	SH3GL1	VAMP3
	CHMP1A	HMGA1	P2RY11	SHC1	VPS16
	CIAO1	HNRNPL	PACS1	SIPA1	VPS18
	CLPTM1	HNRNPUL1	PAF1	SLC25A28	WASHC4
	CNOT3	HNRNPUL2	PDPK1	SLC26A11	YPEL5
	CORO1A	INPP5A	PHRF1	SLC35E1	YWHAE
	CORO7	IRF2	PIK3CG	SLC40A1	ZC3H4
	COTL1	ITPA	PITPNM1	SMARCA5	ZEB2
	CREBRF	KANSL1	PJA2	SMARCC2	ZNF358
	CTDNEP1	KAT6A	PKM	SMARCD2	ZRSR2
	CTSD	KCTD20	PLEKHF2	SMC3	
	CUX1	KIDINS220	POLR2A	SNAP23	
	DIAPH1	KIF1B	POMT1	SP3	
	DIPK2A	KPNA3	POTEF	SPI1	
	DLGAP4	LARP4B	PPM1B	SPOP	
	DMAP1	LMO4	PPP1R12A	SPSB3	
	DOCK11	LSP1	PRR14	SRPK2	

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Yeşil	ABHD17B	IRF3	RSC1A1		
	ADD1	KAT2B	SCO1		
	ADIPOR1	KIR3DL2	SESN3		
	AGA	KLF1	SH3KBP1		
	ALAS2	LACTB2	SLC14A1		
	AP2A1	LLPH	SLC1A5		
	AP2M1	MAP2K2	SLC25A37		
	AP5M1	MARCHF8	SLC48A1		
	ARL1	MARF1	SLC6A10P		
	ATG9A	MCOLN1	SLC6A8		
	ATP6V0C	MEAF6	SLC6A9		
	BCCIP	MICAL2	SMOX		
	BCL2L1	MICALCL	SNORD8		
	BIRC2	MINPP1	SSBP3		
	BPGM	MKNK2	ST3GAL1		
	BSG	MOB2	ST6GALNAC4		
	C6orf62	MRPS23	STAU1		
	CD2BP2	NECAP2	SUCLA2		
	CDC34	NFIA	SYF2		
	CDK7	NFIX	TDG		
	CLN5	NME4	TENT5C		
	CLTA	NOP16	TGM2		
	CNPPD1	NPRL3	TMCC2		
	CRAT	NUCB1	TMEM218		
	CTSB	OR2W3	TMEM39B		
	CYB5R3	PARK7	TMEM63B		
	DCAF12	PCBP2	TMEM86B		
	DLD	PINK1	TP53BP2		
	DMTN	PIP4K2A	TRIP12		
	DNAJC4	PMM1	TSPAN5		
	DUSP23	PNPLA2	TXNDC9		
	EIF2B5	PPP2CA	UBALD1		
	EIF3B	PPP3R1	UBAP1		
	ELF1	PRMT3	UBE2H		
	EPB41	PRPS2	VPS13B		
	FAM104A	PSMD6	WASF2		
	FAM214B	PTPN6	WDR26		
	FOXO3	R3HDM4	WNK1		
	FURIN	RAD23A	XK		
	GATD3A	RANBP10	YPEL3		
	GDE1	RBM38	ZER1		
	GID4	RETREG2	ZNF263		
	GLRX5	RFNG			
	GRINA	RMC1			
	GYPC	RNF10			
	HDGF	RNF40			
	HECTD4	RPE			
	IGF2BP2	RPL26L1			

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Kırmızı	ABHD17AP1	LYAR			
	ADGRG1	MAF			
	ADGRG5	MATK			
	ADRB2	MMP23A			
	AKR1C3	MMP23B			
	APOBEC3G	MRPL10			
	ARHGEF3	NCALD			
	ASCL2	NCR3			
	AUTS2	NKG7			
	C19orf12	OSBPL5			
	C7orf50	PAFAH2			
	CACNA2D2	PDGFD			
	CBLB	PDZD4			
	CCDC65	PGAP3			
	CCL4L2	PLAAT4			
	CCL5	PLEKHA1			
	CD160	PLEKHF1			
	CD247	PPP2R2B			
	CD81	PPP2R5C			
	CD8A	PRKCH			
	CEP78	PRR5L			
	CLIC3	PTGDR			
	CX3CR1	PTPN4			
	DERL1	PYHIN1			
	ELOVL6	RAB9A			
	ENPP4	RFTN1			
	ENPP5	RHOC			
	EOMES	RUNX3			
	FASLG	S1PR5			
	FEZ1	SAMD3			
	FGFBP2	SBK1			
	GNLY	SH2D1A			
	GZMA	SH2D1B			
	GZMB	SIGLEC17P			
	GZMH	SLAMF6			
	GZMM	STAT4			
	HENMT1	SYT11			
	HOPX	SYTL2			
	ID2	TACC3			
	IFNG	TBC1D31			
	IL12RB1	TIGIT			
	IL2RB	TMEM50B			
	KIR2DL3	YWHAQ			
	KLRD1				
	KLRF1				
	KLRG1				
	LAG3				
	LGR6				

Ek-1B: GSE73754 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Siyah	ABLIM3				
	ALOX12				
	ANO6				
	AQP10				
	ARHGAP21				
	ASAP2				
	ATP9A				
	C1orf198				
	CALD1				
	CAVIN2				
	CTSA				
	CTTN				
	DNM3				
	EGF				
	ELOVL7				
	ENDOD1				
	F13A1				
	FERMT3				
	GP1BA				
	HOMER2				
	ITGA2B				
	ITGB3				
	ITGB5				
	JAM3				
	LEPR				
	MMRN1				
	MTPN				
	MYLK				
	NFIB				
	NRGN				
	PARVB				
	PDE5A				
	PNKD				
	PROS1				
	PRUNE1				
	PTGS1				
	RHOBTB1				
	SEC14L5				
	SLA2				
	SLC24A3				
	SYTL4				
	TLK1				
	TLN1				
	TMEM185A				
	VCL				

[illegible]

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	A1BG-AS1	ACAP3	ADGRE2	ALAS1	ANO8
	AAAS	ACBD4	ADGRE3	ALDH2	ANO9
	AACS	ACBD5	ADGRE5	ALDH3A2	ANP32A
	AARS2	ACCS	ADGRG1	ALDH3B1	ANPEP
	AASS	ACER3	ADGRL1-AS1	ALDH4A1	ANTXR2
	AATBC	ACIN1	ADGRV1	ALG10	ANXA11
	AATF	ACO1	ADHFE1	ALG12	ANXA5
	AATK	ACO2	ADIPOR1	ALG3	AOAH
	ABAT	ACOT8	ADIPOR2	ALG8	AP1B1
	ABCA2	ACOT9	ADM5	ALKBH1	AP1G2
	ABCA3	ACOX1	ADM-DT	ALKBH3	AP1G2-AS1
	ABCA7	ACP2	ADNP-AS1	ALKBH6	AP1M1
	ABCB6	ACP3	ADORA3	ALOX5	AP2A1
	ABCB8	ACP6	ADPGK	ALS2	AP3D1
	ABCB9	ACSF2	ADPRHL1	AMACR	AP3M1
	ABCC1	ACSL4	ADSS1	AMDHD2	AP3S2
	ABCC2	ACSS2	AEBP1	AMH	AP4B1
	ABCC5	ACSS3	AFMID	AMMECR1L	AP4E1
	ABCC6	ACTB	AGAP2	AMN	AP4M1
	ABCD1	ACTBP2	AGAP3	AMPD2	AP5B1
	ABCD3	ACTN1	AGAP4	AMPD3	AP5S1
	ABCD4	ACTN4	AGAP6	AMT	AP5Z1
	ABCF1	ACTR1A	AGBL2	ANAPC1P1	APAF1
	ABCF3	ACTR3B	AGO1	ANAPC2	APBA3
	ABHD1	ACVR1B	AGO4	ANAPC4	APBB1IP
	ABHD11	ACY1	AGPAT1	ANAPC5	APBB3
	ABHD12	ADAM10	AGPAT3	ANAPC7	APCDD1
	ABHD16A	ADAM15	AGRN	ANGEL2	APEX2
	ABHD17A	ADAM17	AGTRAP	ANKLE1	APH1B
	ABHD18	ADAM8	AHCYL1	ANKLE2	APLP2
	ABHD2	ADAM9	AHCYL2	ANKMY1	APOBEC3C
	ABHD3	ADAMTS13	AHDC1	ANKRD13D	APOBEC3D
	ABHD4	ADAMTS5	AHSA2P	ANKRD17	APOBEC3F
	ABHD5	ADAMTSL4	AIF1	ANKRD27	APOBR
	ABHD6	ADAP2	AIFM3	ANKRD34B	APOL2
	ABHD8	ADAR	AIG1	ANKRD35	APOL3
	ABI3	ADAT1	AJM1	ANKRD40	APP
	ABL1	ADAT2	AK1	ANKRD42	ARAF
	ABLM2	ADCY10P1	AKAP1	ANKRD42-DT	ARAP1
	ABR	ADCY3	AKAP10	ANKRD44	ARAP3
	ABTB1	ADCY7	AKAP13	ANKRD50	AREL1
	ACAA1	ADCY9	AKAP3	ANKRD52	ARF3
	ACAA2	ADD1	AKAP8	ANKRD54	ARFGAP1
	ACAD10	ADGRA2	AKAP8L	ANKRD6	ARFGAP2
	ACAD8	ADGRB1	AKT1	ANKRD9	ARFIP1
	ACADVL	ADGRB2	AKT1S1	ANKS3	ARFRP1
	ACAP1	ADGRD1	AKT2	ANKZF1	ARHGAP1
	ACAP2	ADGRE1	ALAD	ANO10	ARHGAP19

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	ARHGAP21	ASCC2	B3GALT4	BORCS8	C1R
	ARHGAP25	ASGR2	B3GNT8	BPHL	C1RL
	ARHGAP27	ASH2L	B4GALT3	BPI	C21orf58
	ARHGAP27P1-BPTFP1-KPNA2P3			BRAT1	C22orf39
	ARHGAP30	ASL	B4GALT5	BRCA1	C22orf46
	ARHGAP31	ASPSCR1	B4GALT7	BRD1	C2CD2
	ARHGAP35	ASRGL1	B9D2	BRD2	C2CD2L
	ARHGAP4	ASXL1	BABAM1	BRD3	C2orf68
	ARHGAP9	ATAT1	BABAM2	BRD7	C2orf76
	ARHGEF1	ATF6	BACE1-AS	BRD8	C3AR1
	ARHGEF10L	ATF6B	BACH1	BRI3	C3orf18
	ARHGEF11	ATG10	BAG4	BRI3BP	C3orf52
	ARHGEF18	ATG13	BAG6	BRICD5	C3orf86
	ARHGEF2	ATG16L2	BAHCC1	BRME1	C4A
	ARHGEF3	ATG2A	BAHD1	BROX	C4orf36
	ARHGEF4	ATG3	BAIAP2	BSCL2	C5AR2
	ARHGEF40	ATG4B	BAIAP2-DT	BSDC1	C5orf63
	ARHGEF6	ATG4D	BAP1	BSG-AS1	C6orf47
	ARID3A	ATG7	BASP1	BST1	C6orf89
	ARID3B	ATG9A	BAX	BTBD10	C7orf26
	ARIH2	ATG9B	BAZ1A	BTBD3	C7orf50
	ARL11	ATP10D	BAZ1B	BTG2	C8orf58
	ARL16	ATP11A	BBS2	BTK	C8orf82
	ARMC12	ATP13A1	BCAS3	BTN2A1	C9orf64
	ARMC2	ATP13A2	BCAT2	BTN2A2	CA8
	ARMC7	ATP1A1-AS1	BCDIN3D-AS1	BTN2A3P	CABLES2
	ARMCX3	ATP2A3	BCKDK	BTN3A1	CACNA1F
	ARMCX4	ATP6AP1	BCL2L1	BTN3A3	CACNA1H
	ARMH1	ATP6AP1L	BCL2L13	BTRC	CACNA2D2
	ARMH3	ATP6V0A1	BCL2L2	BUD13	CACNA2D4
	ARNT	ATP6V0A2	BCL3	C10orf105	CACNB1
	ARNTL2	ATP6V0D1	BCL6	C11orf21	CACNB3
	ARPC1A	ATP6V0D1-DT	BCR	C11orf49	CACUL1
	ARPC4	ATP6V1A	BCRP3	C11orf54	CAD
	ARPC5L	ATP6V1B2	BCS1L	C14orf93	CADM4
	ARPIN	ATP6V1C1	BECN1	C15orf40	CALCOCO1
	ARRB1	ATP6V1D	BEST1	C16orf72	CALCOCO2
	ARRB2	ATP6V1G2	BEST4	C17orf49	CALHM2
	ARRDC1	ATP6V1H	BEX1	C17orf67	CALM3
	ARSA	ATP7A	BICD2	C17orf75	CALML4
	ARSB	ATP8B3	BIN2	C19orf25	CAMK1
	ARSD	ATPCKMT	BIN3	C19orf38	CAMK2G
	ARSG	ATRIP	BIVM	C19orf44	CAMKK1
	ARVCF	ATRN	BLCAP	C19orf47	CAMKK2
	ASAH1	ATXN3	BLOC1S3	C19orf71	CAND2
	ASAP3	ATXN7L1	BLVRA	C1orf112	CANT1
	ASB1	ATXN7L2	BMERB1	C1orf127	CAPN1
	ASB13	ATXN7L3	BMF	C1orf159	CAPN10
	ASB16-AS1	ATXN7L3-AS1	BMP1	C1orf162	CAPN5
	ASB8	AVL9	BNIPL	C1orf174	CAPNS1

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	CAPRIN1	CCDC22	CDC42BPB	CES2	CDK5
	CAPRIN2	CCDC28A	CDC42BPG	CES4A	CDK5RAP1
	CAPS	CCDC30	CDC42EP1	CETP	CDK5RAP2
	CARD6	CCDC47	CDC42EP2	CFAP410	CDK5RAP3
	CARD8	CCDC61	CDC42EP3	CFAP53	CDK9
	CARHSP1	CCDC69	CDC42EP4	CFAP70	CDKL5
	CARM1	CCDC73	CDC42SE1	CFDP1	CDKN2B
	CARMIL2	CCDC77	CDH23	CD1D	CDR2L
	CARNS1	CCDC88B	CDH24	CD244	CDS2
	CARS1	CCDC9	CDHR2	CD27-AS1	CDYL2
	CARS2	CCDC92	CDIPT	CD2BP2	CEACAM4
	CASC3	CCDC93	CDK10	CD2BP2-DT	CEBPA-DT
	CASP10	CCER2	CDK11B	CD300A	CELF1
	CASP2	CCHCR1	CDK13	CD300C	CELSR2
	CASS4	CCM2	CDK16	CD300E	CENPBD1P1
	CAST	CCNL2	CDK19	CD300LF	CENPO
	CASTOR2	CCNY	CDK2	CD302	CENPT
	CAT	CCPG1	CDK20	CD33	CEP104
	CATIP-AS1	CCR2	CDK3	CD36	CEP135
	CATSPER1	CCR5AS	CDK5	CD4	CEP152
	CATSPER3	CCS	CDK5RAP1	CD46	CEP164
	CBFA2T2	CCT6P3	CDK5RAP2	CD53	CEP170B
	CBL	CCZ1	CDK5RAP3	CD63	CEP250
	CBR4	CD14	CDK9	CD63-AS1	CEP43
	CBWD2	CD151	CDKL5	CD93	CEP63
	CBWD3	CD163L1	CDKN2B	CD99L2	CEP72
	CBWD5	CD1D	CDR2L	CDA	CEP85
	CBX1	CD244	CDS2	CDADC1	CEP89
	CBX6	CD27-AS1	CDYL2	CDAN1	CERS2
	CBX7	CD2BP2	CEACAM4	CDC25B	CERS5
	CC2D1A	CD2BP2-DT	CEBPA-DT	CDC34	CERT1
	CC2D1B	CD300A	CELF1	CDC42BPB	CES2
	CC2D2A	CD300C	CELSR2	CDC42BPG	CES4A
	CCAR1	CD300E	CENPBD1P1	CDC42EP1	CETP
	CCAR2	CD300LF	CENPO	CDC42EP2	CFAP410
	CCDC125	CD302	CENPT	CDC42EP3	CFAP53
	CCDC127	CD33	CEP104	CDC42EP4	CFAP70
	CCDC13	CD36	CEP135	CDC42SE1	CFDP1
	CCDC136	CD4	CEP152	CDH23	CFLAR
	CCDC137	CD46	CEP164	CDH24	CGN
	CCDC142	CD53	CEP170B	CDHR2	CHAF1A
	CCDC149	CD63	CEP250	CDIPT	CHAF1B
	CCDC152	CD63-AS1	CEP43	CDK10	CHD3
	CCDC153	CD93	CEP63	CDK11B	CHD4
	CCDC154	CD99L2	CEP72	CDK13	CHD8
	CCDC157	CDA	CEP85	CDK16	CHERP
	CCDC159	CDADC1	CEP89	CDK19	CHFR

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	CCDC183-AS1	CDAN1	CERS2	CDK2	CHID1
	CCDC189	CDC25B	CERS5	CDK20	CHIT1
	CCDC18-AS1	CDC34	CERT1	CDK3	CHKB
	CHKB-CPT1B	CLSTN3	CORO6	CSRNP2	D2HGDH
	CHMP2A	CLTA	CORO7	CSRP1	DACH1
	CHMP3	CLTC	COTL1	CSTF3	DAG1
	CHMP4A	CLTCL1	COX15	CTBP1	DAGLB
	CHMP6	CLUAP1	COX19	CTBP2	DAPK1
	CHN2	CLUH	CPAMD8	CTDP1	DAPK3
	CHP1	CMKLR1	CPNE1	CTDSP1	DAPP1
	CHPF2	CMTM1	CPNE2	CTDSP2	DARS2
	CHRNE	CMTM3	CPOX	CTIF	DAZAP1
	CHROMR	CMTM4	CPPED1	CTNNA1	DBF4B
	CHST11	CMTM7	CPQ	CTNNBIP1	DBN1
	CHST12	CMTR1	CPSF1	CTNNBL1	DBNL
	CHST13	CNDP2	CPSF2	CTNS	DBP
	CHST14	CNEP1R1	CPSF3	CTPS2	DBT
	CHST15	CNKSR1	CPSF4	CTSA	DCAF1
	CHTOP	CNN2P9	CPSF7	CTSB	DCAF12
	CHUK	CNNM4	CPT1A	CTSD	DCAF15
	CIAO1	CNOT10	CPT1B	CTSS	DCAF5
	CIAO3	CNOT11	CPT2	CTSZ	DCAF6
	CIC	CNOT8	CPVL	CTTNBP2NL	DCAF7
	CIDEB	CNPY3	CR1	CUEDC1	DCAF8
	CIDEC1P1	CNPY4	CRAMP1	CUL4A	CAKAD
	CIZ1	CNTNAP1	CRAT	CUL7	DCHS1
	CKAP5	CNTRL	CRELD1	CUTALP	DCLRE1B
	CKLF	CNTROB	CRHBP	CUX1	DCLRE1C
	CKMT2-AS1	COA5	CRIP1	CWC25	DGP2
	CLASRP	COASY	CRISPLD2	CX3CR1	DCST2
	CLCC1	COG1	CRK	CXCL11	DCTN1
	CLCN1	COG4	CRLS1	CXorf38	DCTN2
	CLCN2	COG8	CROCC	CXXC1	DCTN5
	CLCN3	COL6A3	CROCCP2	CYB561D1	DCUN1D2
	CLCN6	COL6A4P2	CRTAP	CYB5D2	DDA1
	CLCN7	COL7A1	CRTC2	CYB5R1	DDIAS
	CLDN7	COLGALT1	CRTC3	CYB5R3	DDRGR1
	CLDND2	COMMD7	CRYBB2P1	CYBB	DDX11
	CLEC12A	COMMD9	CRYBG1	CYBC1	DDX17
	CLEC16A	COMT	CRYGS	CYBRD1	DDX19A
	CLEC4A	COPA	CRYZL1	CYFIP1	DDX19A-DT
	CLEC6A	COPG1	CRYZL2P	CYHR1	DDX23
	CLEC7A	COPS7A	CSF1R	CYP1B1	DDX27
	CLHC1	COPS7B	CSF2RB	CYP27A1	DDX39B
	CLIP1	COQ2	CSF3R	CYP2T1P	DDX41
	CLIP2	COQ4	CSGALNACT2-DT		DDX42
	CLK2	COQ6	CSK	CYP4V2	DDX46
	CLK3	COQ7	CSNK1A1	CYRIB	DDX51
	CLN3	COQ8A	CSNK1D	CYSTM1	DDX52

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	CLN6	COQ8B	CSNK1G1	CYTH1	DDX55
	CLPB	COQ9	CSNK2A1	CYTH2	DDX56
	CLPTM1	CORO1A-AS1	CSNK2B	CYTH3	DDX59
	CLSTN1	CORO2A	CSP1	CYTH4	DECR1
	DECR2	DIDO1	DPAGT1	EEPD1	EPHB4
	DEDD	DIP2A	DPCD	EFEMP2	EPHX3
	DEF6	DIP2B	DPEP2	EFHD2	EPOR
	DEF8	DIS3L2	DPF2	EFNA4	EPS8L1
	DELE1	DISC1	DPH1	EFTUD2	ERAL1
	DENND10	DIXDC1	DPH7	EHBP1L1	ERBB3
	DENND1A	DKC1	DPM2	EHHADH	ERCC1
	DENND1C	DLC1	DPP4-DT	EHMT2	ERCC2
	DENND2B	DLG4	DPP8	EIF2AK1	ERCC3
	DENND2D	DLGAP1-AS1	DPP9	EIF2B1	ERF
	DENND3	DLGAP4	DPY19L3	EIF2B2	ERFE
	DENND3-AS1	DLGAP4-AS1	DPYD	EIF2B4	ERI2
	DENND4B	DLST	DPYSL2	EIF2B5	ERLIN1
	DENND5A	DMAP1	DRAXIN	EIF3A	ERLIN2
	DENND6B	DNAAF10	DRC7	EIF3B	ERMAP
	DEPDC5	DNAAF9	DRG2	EIF4A1	ERMARD
	DEPP1	DNAJB12	DSC2	EIF4A3	ERV3-1
	DERA	DNAJB2	DSE	EIF4E2	ERVK13-1
	DESI1	DNAJC11	DSTNP2	EIF4ENIF1	ESM1
	DET1	DNAJC13	DSTYK	EIF4G1	ESRRA
	DFFB	DNAJC16	DTX2	EIF4G3	ESS2
	DGAT1	DNAJC17	DTX3	ELAC2	ETFA
	DGAT2	DNAJC27-AS1	DUS2	ELAVL1	ETFBKMT
	DGCR2	DNAJC30	DUSP18	ELF4	ETFDH
	DGCR8	DNAJC5	DUSP22	ELL	ETNK2
	DGKD	DNAJC7	DUSP3	ELMO2	EVC
	DGKG	DNASE1	DUSP6	ELMOD3	EVI5L
	DGKZ	DNASE1L1	DUSP8P5	ELOA	EVL
	DGUOK-AS1	DNASE1L2	DVL3	ELOA-AS1	EWSR1
	DHCR24	DND1P1	DXO	ELOVL1	EXD2
	DHDDS	DNER	DYNC1H1	ELOVL3	EXD3
	DHODH	DNLZ	DYNC1I2	ELP1	EXOC1
	DHPS	DNM1	DYNC1LI2	EMC1	EXOC3
	DHRS1	DNM1L	DYNC2I1	EME2	EXOC4
	DHRS11	DNM2	DYRK1B	EMILIN2	EXOC7
	DHRS4	DNMT1	DYSF	EML2	EXOSC10
	DHRS4L2	DNMT3B	DZANK1	EML3	EXOSC2
	DHRS7B	DNTTIP1	DZIP1L	ENDOV	EXOSC7
	DHTKD1	DOC2A	E2F2	ENGASE	EXT1
	DHX16	DOC2GP	E4F1	ENKD1	EXT2
	DHX30	DOCK1	EARS2	ENO3	EXTL3
	DHX33	DOCK2	EBF4	ENTPD4	EYA3
	DHX34	DOCK3	ECE1	ENTPD5	EZH1
	DHX35	DOCK8	ECM1	ENTPD6	F11R
	DHX37	DOK1	ECPAS	ENTPD7	F2RL1

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	DHX38	DOK3	EDC3	EOGT	FAAP20
	DHX57	DOLK	EDC4	EOLA2	FAAP24
	DHX8	DOLPP1	EDEM2	EP400P1	FADS1
	DICER1	DOP1B	EDEM3	EPHB2	FADS2
	DICER1-AS1	DOT1L	EEF2K	EPHB3	FAF2
	FAH	FBXL20	FLNB	GAA	GHDC
	FAHD2A	FBXL5	FLOT1	GAB2	GIGYF1
	FAM110A	FBXL6	FLOT2	GAB3	GIGYF2
	FAM110B	FBXO24	FLT3LG	GABARAP	GIMAP5
	FAM111A	FBXO30-DT	FLT4	GABPB2	GIMAP8
	FAM114A1	FBXO38	FLVCR2	GAK	GIPC3
	FAM117A	FBXO41	FLYWCH1	GALC	GIPR
	FAM120A	FBXO44	FMNL1	GALNS	GIT2
	FAM124B	FBXO46	FMNL1-DT	GALNT11	GK
	FAM131A	FBXO9	FMO4	GALNT2	GLA
	FAM131B	FBXW11	FMO5	GALNT6	GLB1
	FAM13A	FBXW2	FN3KRP	GALNT7	GLB1L
	FAM149B1	FBXW4	FNBP1	GANAB	GLCE
	FAM151B	FCER1G	FNBP1P1	GAPVD1	GLE1
	FAM151B-DT	FCGR1A	FNBP4	GARS1-DT	GLG1
	FAM161B	FCGR1B	FNDC3B	GART	GLI4
	FAM168A	FCGR2A	FNTB	GAS2L1	GLIPR1
	FAM174B	FCGRT	FOS	GAS6	GLIPR2
	FAM177B	FCHO1	FOXJ1	GAS7	GLMP
	FAM189B	FCHO2	FOXK1	GAS8	GLT1D1
	FAM193B	FCHSD1	FOXO4	GASK1B	GLUD1P3
	FAM200B	FCN1	FOXRED1	GATAD1	GLUL
	FAM20A	FCRLB	FPGS	GATAD2A	GLYCTK
	FAM214B	FCSK	FPR1	GATB	GLYR1
	FAM219A	FERMT3	FPR2	GATD1	GM2A
	FAM219B	FES	FRAT1	GATD3B	GMEB1
	FAM21FP	FEZ1	FRAT2	GBA	GMIP
	FAM234A	FEZ2	FRMD4B	GBA2	GMPPA
	FAM24B	FFAR4	FRMD6-AS1	GBAP1	GMPPB
	FAM3A	FGD3	FRMD8	GBF1	GNA15
	FAM50A	FGF11	FRS3	GBGT1	GNAQ
	FAM53C	FGFBP3	FSCN1	GCA	GNB1L
	FAM78A	FGFR2	FSTL3	GCDH	GNB4
	FAM83H	FGL2	FTLP3	GCN1	GNL1
	FAM86B3P	FGR	FTSJ3	GCNA	GNL2
	FAM86EP	FHAD1	FUBP3	GCNT1	GNMT
	FAM86FP	FHIP1B	FUCA1	GCNT2	GNPDA1
	FAM86JP	FHIP2B	FUCA2	GDAP2	GNS
	FAM89A	FHL3	FURIN	GDE1	GOLGA1
	FAN1	FHOD1	FUT11	GDI1	GOLGA2
	FANCA	FIG4	FUZ	GDPD1	GOLGA2P10
	FANCG	FIZ1	FXR2	GDPD3	GOLGA3
	FAR2	FKBP15	FXYD5	GDPD5	GOLGA8K
	FBF1	FKBP9	FXYD7	GDPGP1	GOLGA8R

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	FBH1	FKBPL	FYB1	GFOD2	GOLIM4
	FBN1	FKRP	FYN	GGA1	GOLM1
	FBRSL1	FLCN	FZD1	GGA3	GOLPH3-DT
	FBXL18	FLI1	FZR1	GGACT	GON4L
	FBXL19	FLII	G6PC3	GGCX	GORASP1
	FBXL19-AS1	FLNA	G6PD	GGT1	GOSR2
	GP5	GTF2F2	HECTD1	HSD17B1-AS1	IL15RA
	GPANK1	GTF2I	HECTD3	HSD17B4	IL17RA
	GPAT3	GTF2IP1	HECTD4	HSD17B7	IL17RC
	GPAT4	GTF2IP20	HECW2	HSD17B7P2	IL21R
	GPATCH1	GTF2IP4	HELB	HSD3B7	IL27RA
	GPATCH3	GTF2IP5	HERC2	HSF1	IL4R
	GPATCH4	GTF2IRD1	HERC2P2	HSF4	IL6R
	GPBP1L1	GTF2IRD2	HERC2P9	HSPA6	ILF3
	GPD2	GTF2IRD2B	HERC4	HSPG2	ILK
	GPI	GTF3C1	HERPUD2-AS1	HTATSF1P2	IMMT
	GPN2	GTF3C2	HEXA	HTR7P1	IMPA2
	GPR107	GTF3C3	HEXA-AS1	HTRA1	IMPDH1
	GPR137	GTPBP1	HEXB	HTT	INAFM1
	GPR137B	GTPBP2	HFE	HUS1	INAFM2
	GPR157	GTPBP3	HGF	HUWE1	INCENP
	GPR162	GUSB	HGS	HVCN1	INF2
	GPR199P	GUSBP4	HGSNAT	HYI	ING5
	GPR27	GYG1	HIF1AN	HYPK	INIP
	GPR34	GYS1	HINFP	ICA1	INKA2
	GPR82	H1-0	HIP1	IDE	INO80
	GPR85	H1-10-AS1	HIPK1	IDH1	INO80B
	GPS2	H3-3A	HK1	IDH3G	INO80E
	GPSM1	H6PD	HK2	IDNK	INPP4A
	GPSM2	HAAO	HK3	IDUA	INPP5A
	GPSM3	HACD4	HLCS	IER2	INPP5B
	GRAMD1A	HADHB	HLX	IFFO1	INPP5D
	GRAMD4	HAL	HM13	IFITM2	INPP5E
	GRAP2	HARS1	HMG20A	IFNAR2	INPP5K
	GRB10	HARS2	HMGCL	IFNGR1	INPPL1
	GRB2	HAUS4	HMGXB3	IFNGR2	INSR
	GREB1	HAUS5	HNMT	IFT122	INTS1
	GRIK5	HAUS7	HNRNPAB	IFT140	INTS11
	GRIN2D	HCFC1	HNRNPH1	IFT20	INTS14
	GRINA	HCG11	HNRNPL	IFT27	INTS2
	GRIPAP1	HCG25	HNRNPU	IFT43	INTS3
	GRK2	HCK	HNRNPUL1	IFT81	INTS4
	GRK3	HCLS1	HOMER3	IGF2R	INTS6-AS1
	GRK4	HCN3	HOMEZ	IGFLR1	INTS8
	GRK5	HDAC11	HOOK2	IGHMBP2	INTS9
	GRK6	HDAC2-AS2	HOXB3	IGSF22	INTU
	GRN	HDAC3	HOXB-AS1	IGSF6	IP6K1
	GRSF1	HDAC5	HPCAL1	IK	IP6K2
	GRTP1	HDAC6	HPS1	IKBIP	IPMK

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	GSEC	HDAC7	HPS3	IKBKB	IPO13
	GSK3A	HDGFL2	HPS4	IKBKE	IPO4
	GSN	HDHD2	HPSE	IKBKG	IPO9
	GSR	HDLBP	HRH2	IKZF1	IPPK
	GSTM4	HEATR3	HS1BP3	IL10RB	IQCE
	GSTZ1	HEATR5A	HS6ST1	IL10RB-DT	IQCG
	GTF2E2	HEATR6	HSD17B1	IL12RB2	IQCH-AS1
	IQGAP1	KANSL3	KIAA1522	KRTCAP2	LILRB3
	IQGAP2	KAT5	KIDINS220	KSR1	LILRB4
	IQGAP3	KAT6A	KIF13A	KXD1	LIMCH1
	IQSEC2	KAT8	KIF13B	KYAT1	LIME1
	IRAG1	KATNB1	KIF1C	L3MBTL2	LIMK1
	IRAG2	KATNIP	KIF21B	LACC1	LIN37
	IRF1	KBTBD11	KIF24	LACTB	LIN52
	IRF2	KCMF1	KIF27	LAIR1	LIN7A
	IRF2-DT	KCNAB2	KIF3B	LAMB2	LINC00115
	IRF3	KCNE1	KIF3C	LAMP1	LINC00205
	IRF5	KCNE3	KIF9	LAMP2	LINC00211
	IRF9	KCNH2	KIF9-AS1	LAMTOR1	LINC00235
	IST1	KCNH3	KIFBP	LARP1	LINC00294
	ITFG1	KCNK13	KIFC2	LARP4B	LINC00638
	ITGA1	KCNK6	KIFC3	LARS2	LINC00654
	ITGA10	KCNK7	KIN	LAS1L	LINC00663
	ITGA5	KCNMB1	KL	LASP1	LINC00671
	ITGA7	KCNMB4	KLC2	LAT2	LINC00674
	ITGA9	KCNQ1	KLC4	LATS2	LINC00847
	ITGAL	KCTD11	KLF16	LBHD1	LINC00863
	ITGAM	KCTD12	KLHDC10	LBX2-AS1	LINC00896
	ITGAV	KCTD13-DT	KLHDC7B-DT	LCAT	LINC00899
	ITGAX	KCTD15	KLHDC8B	LCMT1	LINC00937
	ITGB2	KCTD2	KLHL12	LCN12	LINC00957
	ITGB2-AS1	KCTD21	KLHL17	LCNL1	LINC00963
	ITIH1	KCTD3	KLHL18	LCP2	LINC00968
	ITIH4	KCTD5	KLHL21	LDB1	LINC01011
	ITPK1	KCTD6	KLHL22	LDLR	LINC01094
	ITPKB	KCTD7	KLHL25	LDLRAD3	LINC01127
	ITPR3	KDELRL1	KLHL26	LDLRAD4	LINC01134
	ITPRID2	KDM2A	KLHL42	LDLRAP1	LINC01138
	ITPRID2-DT	KDM2B	KLHL6	LEMD2	LINC01232
	ITPRIPL2	KDM3B	KLKB1	LENG8-AS1	LINC01270
	ITSN1	KDM4A	KLRC1	LEO1	LINC01311
	ITSN2	KDM4B	KMT5A	LEP	LINC01341
	IVD	KDM5A	KMT5B	LEPROT	LINC01410
	IWS1	KDM5B	KMT5C	LETM1	LINC01503
	IZUMO4	KDM5C	KNOP1	LETM2	LINC01506
	JAG2	KDM8	KNSTRN	LETMD1	LINC01534
	JAK3	KHDC4	KPNA1	LFNG	LINC01547
	JAML	KHK	KPNA6	LGALS8	LINC01560
	JARID2	KHNYN	KPNB1	LGALS9	LINC01569

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	JAZF1-AS1	KIAA0100	KPNB1-DT	LHPP	LINC01624
	JDP2-AS1	KIAA0232	KPTN	LIG1	LINC01694
	JMJD6	KIAA0319L	KRBA1	LIG3	LINC01762
	JMJD7-PLA2G4B		KRBA2	LILRA1	LINC01786
	JPH4	KIAA0513	KREMEN1	LILRA2	LINC01801
	JPX	KIAA0753	KRI1	LILRA6	LINC01814
	JRK	KIAA0895L	KRIT1	LILRB1	LINC01907
	KANSL1L	KIAA0930	KRT8P12	LILRB2	LINC02175
	LINC02210	LRRC37B	MAP1S	MDK	MIR210HG
	LINC02352	LRRC37BP1	MAP2K1	MEAK7	MIR223HG
	LINC02447	LRRC4	MAP2K7	MECR	MIR23A
	LINC02611	LRRC41	MAP3K11	MED20	MIR23AHG
	LINC02723	LRRC47	MAP3K12	MED22	MIR25
	LINC02724	LRRC57	MAP3K14	MED24	MIR26B
	LINC02731	LRRC8D	MAP3K20	MED25	MIR27A
	LINC02762	LRRFIP1P1	MAP3K3	MED28	MIR3150BHG
	LINC02846	LRRK1	MAP3K5	MED29	MIR3677HG
	LINC02908	LRSAM1	MAP3K6	MED7	MIR378J
	LINC02913	LRWD1	MAP4K2	MEFV	MIR4292
	LITAF	LSM12	MAP4K4	MEGF6	MIR4453HG
	LLGL2	LSM14B	MAP7	MEGF8	MIR4648
	LMBR1L	LSS	MAP7D1	MEGF9	MIR589
	LMLN	LTA4H	MAPK1	MEN1	MIR6075
	LMNB1	LTB4R	MAPK13	MESD	MIR6753
	LMNTD2	LTB4R2	MAPK14	METAP1D	MIR6859-1
	LMNTD2-AS1	LTBP2	MAPK3	METTTL17	MIR7111
	LMO2	LTBP4	MAPK8IP3	METTTL3	MIR765
	LMTK2	LTBR	MAPKAPK3	METTTL6	MIRLET7BHG
	LMTK3	LTO1	MAPKAPK5	METTTL7A	MIS18BP1
	LONP1	LUC7L	MAPKBP1	MFN2	MITF
	LONP2	LY6G5C	MAPRE3	MFSD1	MKNK1
	LOXL3	LYG1	MAPT	MFSD11	MKRN1
	LPAL2	LYRM9	MARCHF2	MFSD12	MKS1
	LPAR1	LYSMD4	MARCO	MFSD13A	MLEC
	LPAR2	LYZ	MARF1	MFSD14B	MLF2
	LPAR5	LZTR1	MARK2	MFSD4B	MLH1
	LPCAT1	LZTS1	MARK3	MFSD9	MLH3
	LPCAT2	LZTS2	MARK4	MGAT4B	MLKL
	LPCAT3	MACO1	MARS1	MGME1	MLLT1
	LPCAT4	MACROD1	MARVELD1	MGST1	MLLT6
	LPIN1	MAD1L1	MAST2	MGST2	MLX
	LPIN2	MADD	MAST3	MIA3	MMAB
	LPXN	MAEA	MAT2A	MIAT	MMP14
	LRCH3	MAFG	MATN1-AS1	MICAL1	MMP24OS
	LRCH4	MAFK	MAVS	MICAL2	MMP25
	LRFN1	MAGI2	MBD1	MICALL1	MMS19
	LRFN3	MAGIX	MBOAT1	MICALL2	MNDA
	LRIG2	MAMDC4	MBOAT7	MICB	MOB3A
	LRIT3	MAML3	MBP	MICOS10	MOB3C

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	LRP1	MAMSTR	MBTPS1	MICU1	MOGS
	LRP10	MAN1B1	MCAT	MIDEAS	MOK
	LRP8	MAN2A2	MCEMP1	MIEF1	MON1B
	LRPAP1	MAN2B1	MCL1	MIER2	MORC2
	LRRC14	MAN2B2	MCM3AP	MIGA2	MORC2-AS1
	LRRC23	MAN2C1	MCM7	MILR1	MOSMO
	LRRC25	MANBA	MCOLN1	MINDY1	MOSPD2
	LRRC27	MANBAL	MCU	MINK1	MOV10
	LRRC37A2	MANSC1	MDC1	MIOS-DT	MPEG1
	MPHOSPH8	MTHFR	NAGK	NDST1	NLN
	MPHOSPH9	MTHFSD	NAGPA	NDST2	NLRC3
	MPND	MTIF2	NAIPP1	NDUFA10	NLRC4
	MPO	MTMR11	NALT1	NDUFA11	NLRC5
	MPP3	MTMR14	NANS	NDUFA13	NLRP12
	MPP4	MTMR3	NAPA	NDUFAF3	NLRX1
	MPPE1	MTMR4	NAPB	NDUFAF7	NME6
	MPV17	MTOR	NAPG	NDUFS2	NMNAT1
	MPZ	MTPAP	NARF	NDUFV1	NMNAT2
	MPZL1	MTR	NARS1	NDUFV3	NMRAL1
	MPZL3	MTRF1	NASP	NECAB3	NMT1
	MR1	MTX1	NAT10	NECTIN1	NMUR1
	MRI1	MUS81	NAT9	NECTIN2	NOC2L
	MRM1	MUTYH	NATD1	NEDD4	NOC4L
	MROH1	MVB12A	NAXD	NEFH	NOD2
	MROH6	MVB12B	NBEAL2	NEK4	NOL12
	MROH8	MVP	NBPF1	NEK6	NOL3
	MRPL20	MX2	NBPF10	NEK9	NOL6
	MRPL38	MXD3	NBPF11	NELFA	NOL9
	MRPL45P2	MYADM	NBPF12	NEU1	NOM1
	MRPL53	MYB	NBPF14	NEU3	NOMO1
	MRPS25	MYBBP1A	NBPF15	NEURL1B	NOMO2
	MRPS5	MYBPC3	NBPF19	NEURL4	NOMO3
	MRTFA	MYCL	NBPF25P	NF2	NONO
	MS4A4A	MYH7B	NBPF26	NFAM1	NOP14
	MS4A6A	MYH9	NBPF8	NFATC2IP	NOP14-AS1
	MS4A7	MYL5	NBPF9	NFE2	NOP2
	MSANTD2	MYLK4	NBR1	NFE2L1	NOP9
	MSH4	MYO10	NBR2	NFIX	NOS3
	MSL1	MYO15A	NCAPD3	NFKB2	NOTCH1
	MSL3	MYO15B	NCBP2	NFRKB	NOTCH2
	MSN	MYO18A	NCBP3	NFS1	NOTCH3
	MSRA	MYO19	NCDN	NFXL1	NOXRED1
	MSRB1	MYO1E	NCEH1	NHLRC1	NPC1
	MSRB2	MYO1F	NCF1	NHLRC3	NPEPL1
	MST1	MYO1G	NCF1B	NHSL1	NPEPPS
	MST1P2	MYO9B	NCF1C	NIBAN1	NPHP3
	MST1R	MYOM1	NCF2	NIBAN2	NPHP4
	MSTO1	MYPOP	NCF4	NICN1	NPIPA1
	MTA1	MZF1-AS1	NCK1-DT	NID1	NPL

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	MTA2	N4BP1	NCKAP1L	NID2	NPLOC4
	MTA3	N4BP2L1	NCKAP5L	NIN	NPRL2
	MTARC1	NAA10	NCKIPSD	NINJ2	NPTN
	MTCH2	NAA40	NCLN	NINJ2-AS1	NPTXR
	MTERF4	NAA60	NCOA2	NIPAL3	NQO2
	MTF1	NAAA	NCOA3	NISCH	NR1H2
	MTFR1	NACC2	NCOR1	NIT1	NR1H3
	MTFR1L	NADK	NCSTN	NKAPL	NR2C2
	MTG2	NADSYN1	NDOR1	NKIRAS2	NR2F6
	MTHFD2	NAGA	NDRG1	NLK	NR6A1
	NRADDP	NVL	PABIR1	PCSK4	PGPEP1
	NRBP1	NXF1	PABPN1	PCTP	PHAF1
	NRBP2	OAF	PACC1	PCYT1A	PHC1P1
	NRDC	OAZ2	PACS2	PDCD11	PHC2
	NREP	OCEL1	PACSIN2	PDCD6	PHETA1
	NRG1	OCRL	PADI2	PDCD6IP	PHF19
	NRM	ODAD4	PADI4	PDE1B	PHF2
	NSD1	ODC1-DT	PAF1	PDE4DIPP2	PHF23
	NSD2	ODF2	PAFAH1B1	PDGFRB	PHF8
	NSF	ODF3B	PAFAH1B2	PDHA1	PHKG2
	NSFL1C	OGA	PAFAH2	PDIA3P1	PHLDB3
	NSMAF	OGDH	PAK1	PDIA5	PHLPP1
	NSMCE1-DT	OGFOD2	PAK4	PDK2	PHRF1
	NSUN2	OGFOD3	PALD1	PDLIM2	PHTF1
	NSUN4	OGFR	PALLD	PDLIM5	PHYKPL
	NSUN5P1	OGFRL1	PAM	PDLIM7	PI4KA
	NSUN5P2	OLFML2B	PAN2	PDPK1	PI4KAP2
	NT5C2	OPA3	PANK2	PDPR	PI4KB
	NT5DC4	OPLAH	PANK2-AS1	PDSS1	PIAS3
	NTNG2	OR52K3P	PANK4	PDSS2	PIAS4
	NUAK2	OR7E140P	PANX2	PDXDC1	PICALM
	NUBP1	ORAI3	PAPSS1	PDXK	PICK1
	NUCB1	ORC2	PAPSS2	PDZD3	PIDD1
	NUDCD3	OS9	PAQR4	PDZD7	PIEZO1
	NUDT13	OSBPL11	PAQR6	PEA15	PIGM
	NUDT14	OSBPL2	PAQR7	PECAM1	PIGQ
	NUDT16	OSBPL5	PARGP1	PEDS1	PIGS
	NUDT16L2P	OSBPL7	PARL	PELATON	PIGT
	NUDT17	OSBPL9	PARN	PELI2	PIGU
	NUDT19	OSCAR	PARP12	PELI3	PIGV
	NUDT6	OSGEP	PARP4	PELP1	PIGX
	NUDT9	OSGIN1	PARP6	PEMT	PIGZ
	NUMA1	OTUB2	PARVG	PET100	PIH1D1
	NUMB	OTUD5	PATL2	PEX11B	PIK3AP1
	NUMBL	OTUD7B	PAXBP1	PEX14	PIK3CD
	NUP107	OTULIN-DT	PAXBP1-AS1	PEX26	PIK3CD-AS1
	NUP133	OTULINL	PAXIP1	PEX5	PIK3R4
	NUP160	OXA1L	PAXIP1-AS2	PEX6	PIK3R5
	NUP188	OXER1	PBLD	PFAS	PIK3R6

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	NUP210	P2RX1	PBRM1	PFKFB4	PILRA
	NUP42	P2RX4	PBX2	PFKM	PIM1
	NUP43	P2RX6	PC	PGAM1	PIM2
	NUP50	P2RX7	PCBD2	PGAP2	PINK1
	NUP50-DT	P2RY11	PCED1A	PGAP3	PIP4K2C
	NUP58	P2RY13	PCF11-AS1	PGAP6	PIP4P2
	NUP62	P2RY2	PCGF1	PGD	PIP5K1A
	NUP85	P3H1	PCGF3	PGLS	PIP5K1C
	NUP93	P3H4	PCNT	PGM1	PIPOX
	NUP98	P4HTM	PCNX3	PGM2	PISD
	NUTM2D	PAAF1	PCOLCE	PGM5	PITPNA
	PITPNC1	PML	PPM1D	PRICKLE3	PSMD2
	PITPNM1	PMM2	PPM1F	PRKAB1	PSMD3
	PITPNM3	PMPCA	PPM1F-AS1	PRKAB2	PSME3IP1
	PITRM1	PMS2	PPM1G	PRKAG1	PSMG3-AS1
	PKD1	PMS2CL	PPM1H	PRKAR1A	PSRC1
	PKD1L1	PMS2P3	PPM1M	PRKAR1B	PSTPIP1
	PKD1P4	PMS2P7	PPM1N	PRKAR1B-AS1	
	PKD1P6	PNKD	PPME1	PRKAR2A-AS1	
	PKD2	PNKP	PPOX	PRKCB	PSTPIP2
	PKM	PNMA5	PPP1R10	PRKCD	PTAFR
	PKN3	PNN	PPP1R11	PRKCI	PTBP1
	PKP4	PNPLA1	PPP1R12A	PRKCZ	PTCD1
	PLA2G15	PNPLA2	PPP1R12C	PRKD2	PTCD2
	PLA2G4A	PNPLA6	PPP1R13B	PRKRIP1	PTCH1
	PLA2G4B	PODXL	PPP1R13L	PRKX	PTDSS2
	PLA2G6	POFUT1	PPP1R18	PRMT2	PTGDR
	PLA2G7	POFUT2	PPP1R21	PRMT7	PTGDS
	PLB1	POGLUT1	PPP1R26	PROB1	PTGES2
	PLBD1	POLA2	PPP1R37	PROCA1	PTGFRN
	PLBD1-AS1	POLD3	PPP1R3B	PRORP	PTGIR
	PLCB2	POLD4	PPP1R3D	PRPF18	PTGR1
	PLCB3	POLDIP3	PPP1R3F	PRPF3	PTGR2
	PLCD3	POLG	PPP1R9B	PRPF38A	PTK2B
	PLCH2	POLG2	PPP2R1A	PRPF38B	PTK7
	PLD2	POLI	PPP2R1B	PRPF6	PTOV1
	PLD3	POLL	PPP2R2D	PRR13	PTOV1-AS2
	PLEC	POLM	PPP2R5B	PRR14	PTP4A3
	PLEKHA8	POLN	PPP2R5D	PRR14L	PTPN18
	PLEKHA8P1	POLR2E	PPP3CB-AS1	PRR22	PTPN6
	PLEKHB2	POLR2J4	PPP4R1	PRR3	PTPN7
	PLEKHG3	POLR3A	PPP4R1L	PRR34	PTPN9
	PLEKHG4	POLR3B	PPP5C	PRR34-AS1	PTPRE
	PLEKHM1	POLR3D	PPP5D1P	PRR5	PTPRJ
	PLEKHM2	POLR3H	PPP6R1	PRR5L	PTPRM
	PLEKHN1	POM121	PPP6R2	PRR7	PTPRN2-AS1
	PLEKHO1	POMGNT1	PPRC1	PRRC2A	PTPRU
	PLEKHO2	POMT1	PPT1	PRRG4	PTRH2
	PLIN3	POPDC2	PPT2	PRRT3	PTTG1IP

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	PLIN5	POR	PRAF2	PRRT4	PUM1
	PLOD1	PORCN	PRAG1	PRSS27	PUS1
	PLOD3	POU2F2	PRAM1	PRSS53	PVR
	PLP2	PPAN	PRCC	PSAP	PWWP2A
	PLPPR2	PPARA	PRCP	PSD4	PWWP3A
	PLSCR1	PPEF2	PRDM10	PSEN1	PXK
	PLXNA2	PPFIA1	PRDM15	PSEN2	PXN
	PLXNB1	PPFIA3	PRDM5	PSKH1	PXYLP1
	PLXNB2	PPFIA4	PREB	PSMA3-AS1	PYGB
	PLXNC1	PPFIBP2	PRELID3A	PSMC6	PYGL
	PLXND1	PPIL2	PREP	PSMD1	PYROXD2
	PMFBP1	PPIP5K1	PREX1	PSMD11	QPCT
	QRICH1	RASGRP2	RGL2	RNF166	RSRP1
	QSOX1	RASGRP4	RGMA	RNF169	RTCA
	QTRT2	RASSF1	RGP1	RNF170	RTEL1
	R3HDM2	RASSF2	RGS12	RNF20	RTL10
	R3HDM4	RASSF3	RGS2	RNF207	RTL8A
	RAB10	RASSF4	RGS3	RNF213	RTL8C
	RAB11B	RAVER1	RHBDF2	RNF214	RTN1
	RAB11B-AS1	RBBP5	RHOG	RNF215	RTN2
	RAB11FIP1	RBFA	RHOQ	RNF216	RTN3
	RAB11FIP4	RBFA	RHOT1	RNF227	RTN4
	RAB13	RBM10	RHOT2	RNF24	RTN4IP1
	RAB1B	RBM17	RHPN1	RNF31	RTN4RL1
	RAB24	RBM19	RIC8A	RNF34	RUBCN
	RAB27A	RBM20	RILP	RNF4	RUFY4
	RAB30-DT	RBM22	RILPL1	RNF40	RUNDC1
	RAB31	RBM23	RILPL2	RNFT1	RUSC1
	RAB32	RBM28	RIMBP3	RNFT2	RUSC2
	RAB35	RBM4B	RIMKLA	RNPEP	RUSF1
	RAB3A	RBM5	RIN1	RNPS1	RXRA
	RAB3D	RBM6	RIN2	RNU6-126P	RXRB
	RAB3GAP1	RBMS1	RIN3	RNU6-8	S100A11
	RAB3GAP2	RBPJ	RIPK1	ROBO3	S100A12
	RAB43	RCAN1	RIPK3	ROCK2	S100A13
	RAB4B	RCBTB1	RIPOR2	ROGDI	S100A8
	RAB5IF	RCBTB2	RMC1	RPAIN	S100A9
	RABGAP1	RCC1L	RMDN1	RPGRIP1	S100PBP
	RABGGTA	RCC2	RMDN2	RPL13P5	S100Z
	RABL2A	RCE1	RMDN3	RPL23AP74	S1PR3
	RABL2B	RCN3	RMND1	RPL23P2	SAFB
	RABL6	RCOR1	RMND5B	RPL37A-DT	SAFB2
	RAC1	RDH11	RN7SL138P	RPL7AP64	SAMD1
	RAD52	RDH5	RN7SL385P	RPP21	SAMD10
	RAD54L2	RDX	RNA5SP383	RPRD1A	SAMHD1
	RAD9A	RECQL5	RNASE2	RPS4XP16	SAMM50
	RAE1	REEP4	RNASE2CP	RPS6KA1	SANBR
	RAF1	RELA	RNASE6	RPS6KA4	SAP30BP
	RAI1	RELL1	RNASEK	RPS6KB2	SAR1B

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	RALB	RELT	RNASEL	RPS6KC1	SARM1
	RALGAPA2	RENB	RNASET2	RPUSD3	SARS2
	RALGAPB	REPS2	RNF10	RRAGD	SART1
	RALGDS	RER1	RNF111	RRBP1	SART3
	RANBP3	RETSAT	RNF114	RREB1	SASH3
	RANGAP1	REXO2	RNF121	RRP1	SAT2
	RAP1GAP2	RFC2	RNF122	RRP12	SBF1
	RARA	RFFL	RNF123	RRP1B	SBF2
	RARA-AS1	RFT1	RNF130	RRP7BP	SBNO2
	RASA3	RFWD3	RNF135	RRP8	SCAF1
	RASA4	RFX1	RNF145	RSPH3	SCAMP2
	RASA4CP	RFX2	RNF146	RSPH9	SCAMP3
	RASAL3	RGL1	RNF149	RSPRY1	SCAMP4
	SCAP	SERINC2	SIDT2	SLC25A20	SLC46A1
	SCARB1	SERINC3	SIGIRR	SLC25A22	SLC46A2
	SCARB2	SERPINA1	SIGLEC10	SLC25A27	SLC47A1
	SCARF1	SERPINB1	SIGLEC15	SLC25A29	SLC48A1
	SCAT8	SERPINB10	SIGLEC18P	SLC25A34	SLC49A3
	SCFD2	SERPINB6	SIGLEC20P	SLC25A42	SLC4A1AP
	SCIMP	SERPINB9	SIGLEC5	SLC25A43	SLC4A2
	SCML2P2	SERTAD3	SIGLEC7	SLC25A44	SLC4A8
	SCNM1	SESN2	SIGLEC9	SLC25A45	SLC5A6
	SCNN1D	SETD1A	SIK2	SLC25A51	SLC66A1
	SCO1	SETD4	SIL1	SLC25A53	SLC66A2
	SCPEP1	SETD5	SIMC1	SLC26A11	SLC6A12
	SCRN3	SETD6	SIN3B	SLC26A6	SLC6A16
	SCUBE1	SETD7	SIRPA	SLC26A8	SLC6A6
	SCYL1	SETDB1	SIRPB1	SLC27A1	SLC6A8
	SDCBP2-AS1	SF1	SIRPB2	SLC27A3	SLC7A6OS
	SDCCAG8	SF1-DT	SIRT2	SLC27A4	SLC7A7
	SDF2	SF3A2	SIRT3	SLC28A3	SLC8B1
	SDF4	SF3B2	SIRT7	SLC29A2	SLC9A3-AS1
	SDHAF2	SF3B3	SIVA1	SLC29A3	SLC9A8
	SDHAP1	SFXN3	SKAP2	SLC2A11	SLCO3A1
	SDHC	SFXN5	SKIV2L	SLC2A12	SLF2
	SDK1	SGK3	SLC11A1	SLC30A5	SLFN11
	SEC14L1	SGMS2	SLC11A2	SLC30A7	SLFN12
	SEC16A	SGPL1	SLC12A4	SLC31A1	SLIT1
	SEC22A	SGSH	SLC12A6	SLC31A2	SLITRK4
	SEC22B	SGSM1	SLC12A7	SLC35A2	SLMAP
	SEC22C	SGSM2	SLC12A9	SLC35A5	SLTM
	SEC23B	SH2B1	SLC15A3	SLC35B4	SLX4
	SEC23IP	SH2B2	SLC15A4	SLC35C1	SLX4IP
	SEC24B-AS1	SH2B3	SLC16A13	SLC35C2	SMAP2
	SEC24C	SH2D2A	SLC16A1-AS1	SLC35E1	SMARCA2
	SECTM1	SH2D3A	SLC16A3	SLC35E2A	SMARCA4
	SEL1L	SH2D3C	SLC16A5	SLC35E2B	SMARCA1
	SELENON	SH3BGRL3	SLC17A5	SLC35F6	SMARCC2
	SELENOO	SH3BP1	SLC19A1	SLC37A1	SMARCD2

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	SELPLG	SH3BP2	SLC1A5	SLC37A2	SMARCD3
	SEMA3C	SH3BP5L	SLC20A1	SLC37A3	SMC1A
	SEMA4A	SH3KBP1	SLC22A18	SLC37A4	SMCO4
	SEMA4C	SH3PXD2A	SLC22A31	SLC38A10	SMCR8
	SEMA4F	SHC1	SLC22A5	SLC39A1	SMG5
	SEMA6C	SHC2	SLC23A2	SLC39A11	SMPD1
	SENCR	SHE	SLC23A3	SLC39A4	SMPD2
	SENP3	SHF	SLC24A1	SLC39A7	SMPD4
	SENP3-EIF4A1	SHFL	SLC24A4	SLC39A9	SMTN
	SEPTIN1	SHKBP1	SLC25A10	SLC43A1	SMUG1
	SEPTIN10	SHLD1	SLC25A11	SLC43A2	SMURF2
	SEPTIN4	SHPK	SLC25A14	SLC43A3	SMYD4
	SEPTIN7-DT	SHQ1	SLC25A16	SLC44A2	SNAI3-AS1
	SERAC1	SIAE	SLC25A17	SLC45A4	SNAP23
	SNAP29	SPECC1	ST3GAL5	STX6	TANGO6
	SNAPC3	SPECC1L	ST3GAL5-AS1	STX8	TAOK2
	SNAPC4	SPG11	ST3GAL6	STXBP2	TAOK3
	SNF8	SPG21	ST6GALNAC2	STYXL1	TAPBP
	SNHG11	SPHK2	ST7L	SUCLA2	TAPBPL
	SNHG28	SPIDR	ST8SIA4	SUDS3	TARS2
	SNORA28	SPIN3	STAB1	SUFU	TASL
	SNORA59A	SPINT1	STAC3	SUGP1	TATDN2
	SNORD116-7	SPIRE1	STAG3L1	SUGP2	TAX1BP3
	SNORD12B	SPN	STAG3L3	SULF2	TBC1D1
	SNORD37	SPNS1	STAM2	SULT1A1	TBC1D10A
	SNORD93	SPNS2	STAMPB	SULT1B1	TBC1D10B
	SNRNP200	SPOP	STARD3	SUMF1	TBC1D13
	SNRNP35	SPPL2B	STARD7-AS1	SUMO1P1	TBC1D14
	SNRNP70	SPPL3	STAT2	SUMO2P17	TBC1D16
	SNRPGP14	SPR	STAT3	SUN1	TBC1D17
	SNTB1	SPRYD3	STAT5A	SUOX	TBC1D2
	SNTB2	SPTBN5	STAT5B	SUPT5H	TBC1D20
	SNUPN	SPTLC1	STAT6	SUPT6H	TBC1D22B
	SNX1	SPTLC2	STAU1	SUPT7L	TBC1D24
	SNX11	SQSTM1	STEAP3	SURF6	TBC1D25
	SNX12	SRA1	STEAP4	SUSD1	TBC1D2B
	SNX15	SRD5A1	STIM1	SUSD6	TBC1D30
	SNX20	SREBF1	STIMATE	SV2A	TBC1D8
	SNX21	SREBF2	STIMATE-MUSTN1		TBC1D9
	SNX24	SRF	STING1	SVIL2P	TBC1D9B
	SNX27	SRGAP2	STK10	SVIL-AS1	TBCCD1
	SNX29	SRGAP2B	STK11IP	SYK	TBCD
	SNX30	SRP54	STK19	SYNE4	TBKB1
	SNX33	SRPK1	STK24	SYNGR1	TBL1X
	SOAT1	SRPRA	STK25	SYNJ2BP	TBP
	SOAT2	SRRT	STK32B	SYTL1	TBRG1
	SOCS7	SRSF1	STK32C	SYTL3	TBX19
	SORBS1	SRSF4	STK35	SYVN1	TBXAS1
	SORD	SRSF9	STK36	TAB1	TCAF1

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	SORL1	SS18L1	STK38	TACC1	TCAP
	SORT1	SSBP3	STK38L	TACC3	TCEANC2
	SOS2	SSBP3P1	STK40	TADA2A	TCF12
	SOWAHC	SSH1	STOML1	TAF1	TCF20
	SOX13	SSH2	STPG3-AS1	TAF11	TCF25
	SP1	SSH3	STRIP1	TAF1C	TCHP
	SP110	SSPOP	STRN4	TAF3	TCIRG1
	SP140L	SSR4P1	STT3A	TAF5L	TCOF1
	SPA17	SSU72	STX12	TAF6	TCP11L1
	SPACA9	ST14	STX18	TAF6L	TCTN1
	SPAG8	ST3GAL1	STX2	TAF8	TCTN2
	SPATA2	ST3GAL1-DT	STX3	TAFAZZIN	TDRD9
	SPATA20	ST3GAL2	STX4	TAGLN	TECPR1
	SPATA33	ST3GAL3	STX5	TALDO1	TECPR2
	SPATA5L1	ST3GAL4	STX5-DT	TANGO2	TECR
	TEDC1	TLR2	TMEM214	TNPO2	TRBJ2-2
	TEDC2-AS1	TLR4	TMEM218	TNPO3	TRERF1
	TEFM	TLR5	TMEM220-AS1	TNRC18	TREX2
	TEP1	TLR6	TMEM229B	TNRC6A	TRIM11
	TEPSIN	TLR8	TMEM231P1	TNS3	TRIM16
	TESC	TM4SF19	TMEM234	TOGARAM2	TRIM17
	TESK2	TM6SF1	TMEM242	TOLLIP	TRIM22
	TESMIN	TM7SF3	TMEM254	TOM1	TRIM24
	TEX2	TM9SF1	TMEM255B	TOMM40L	TRIM25
	TEX22	TM9SF2	TMEM259	TONSL	TRIM26
	TEX261	TM9SF4	TMEM33	TOP3A	TRIM27
	TFAP2E	TMBIM1	TMEM38A	TOP3B	TRIM3
	TFAP4	TMC4	TMEM39B	TOR1AIP1	TRIM39
	TFCP2	TMC6	TMEM41B	TOR1AIP2	TRIM4
	TFE3	TMC8	TMEM43	TOR1B	TRIM41
	TFEB	TMCO3	TMEM50B	TOR2A	TRIM45
	TFIP11	TMCO4	TMEM63B	TOR4A	TRIM46
	TFR2	TMCO6	TMEM63C	TP53	TRIM5
	TGFA	TMED2-DT	TMEM71	TP53BP1	TRIM52
	TGFB1	TMED6	TMEM79	TP53I11	TRIM56
	TGFB3	TMEM104	TMEM80	TP53I3	TRIM62
	TGFBI	TMEM109	TMEM86A	TP73-AS1	TRIM7
	TGM1	TMEM115	TMEM86B	TPCN2	TRIM71
	TGOLN2	TMEM120A	TMEM8B	TPD52L2	TRIM8
	THBS3	TMEM120B	TMEM91	TPGS2	TRIM9
	THEMIS2	TMEM121B	TMEM94	TPM2	TRIOBP
	THNSL2	TMEM127	TMEM9B-AS1	TPM3P6	TRIQK
	THOC3	TMEM131L	TMOD2	TPM3P9	TRIT1
	THOC5	TMEM138	TMOD3	TPM4	TRMT10B
	THTPA	TMEM139	TMPPE	TPRA1	TRMU
	TIAM1	TMEM140	TMSB4XP4	TPST2	TRNAU1AP
	TIGD3	TMEM143	TMTC4	TRABD	TRNT1
	TIMM10B	TMEM147-AS1	TMUB2	TRAF1	TRPC4AP
	TIMM21	TMEM150A	TMX2	TRAF2	TRPM2

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	TIMM29	TMEM150B	TNFAIP1	TRAF3	TRPM4
	TIMM44	TMEM154	TNFAIP8L1	TRAF3IP1	TRPV2
	TIMP1	TMEM164	TNFAIP8L2	TRAF3IP3	TRPV4
	TIMP2	TMEM165	TNFRSF10B	TRAF7	TSC1
	TINF2	TMEM167A	TNFRSF10D	TRAFFD1	TSC2
	TJAP1	TMEM167B-DT	TNFRSF14	TRAM2-AS1	TSC22D1-AS1
	TJP2	TMEM169	TNFRSF14-AS1	TRAP1	TSC22D4
	TK2	TMEM17	TNFRSF1A	TRAPPC10	TSEN2
	TKFC	TMEM175	TNFRSF1B	TRAPPC11	TSEN34
	TKT	TMEM179B	TNFRSF8	TRAPPC12	TSHZ3
	TLCD5	TMEM18	TNFSF10	TRAPPC14	TSNARE1
	TLE2	TMEM184B	TNFSF12	TRAPPC4	TSPAN14
	TLK2	TMEM184C	TNFSF13B	TRAPPC5	TSPAN32
	TLN1	TMEM185A	TNIP1	TRAPPC6B	TSPOAP1
	TLN2	TMEM185B	TNK2	TRAPPC8	TSPOAP1-AS1
	TLR1	TMEM201	TNKS1BP1	TRBJ1-4	TTC13
	TTC16	UBE2O	USP37	VRK3	WWP2
	TTC17	UBE2R2	USP4	VSIG10	XAB2
	TTC21A	UBE3B	USP40	VSIG10L	XKR7
	TTC22	UBE3C	USP49	VSIR	XPC
	TTC24	UBE4A	USP54	VWA5A	XPC-AS1
	TTC28-AS1	UBE4B	UTP11	WAC-AS1	XPNPPEP1
	TTC31	UBFD1	UTP6	WAS	XPNPPEP3
	TTC5	UBL7-DT	UXT-AS1	WASF2	XPO5
	TTC7A	UBN1	VAMP3	WASH2P	XPO6
	TTC9C	UBOX5	VARS2	WASH3P	XRCC1
	TTF2	UBP1	VASH1	WASH4P	XRCC2
	TTI1	UBR2	VASH1-AS1	WASH5P	XRCC3
	TTL	UBTF	VASP	WASH9P	XRCC4
	TTLL12	UBXN11	VAT1	WASHC1	XRN2
	TTLL4	UBXN2B	VAV1	WASHC2A	XXYLT1
	TTYH2	UEVLD	VCAN	WASHC2C	XYLT2
	TUBA1A	UGDH-AS1	VCP	WASHC5	YARS1
	TUBA3FP	UGGT1	VDR	WBP1	YBX1P2
	TUBBP5	UHRF1BP1	VENTX	WBP2	YBX3
	TUBD1	UIMC1	VGLL4	WBP4	YEATS2
	TUBG2	ULK1	VHL	WDR1	YIF1B
	TUBGCP2	ULK2	VILL	WDR11	YIPF1
	TUBGCP3	ULK3	VIM	WDR20	YIPF3
	TUBGCP6	UMPS	VIPAS39	WDR24	YIPF4
	TULP3	UNC119	VIPR1	WDR27	YIPF6
	TUT1	UNC13D	VIRMA-DT	WDR37	YJEFN3
	TUT7	UNC50	VMAC	WDR44	YJU2B
	TXNDC15	UNC5CL	VMP1	WDR45	YPEL2
	TXNL4B	UNC93B1	VNN1	WDR45B	YPEL3
	TXNRD2	UPF1	VNN2	WDR5	YWHAE
	TYK2	UPF2	VPS11	WDR55	YWHAG
	TYMP	UPF3A	VPS13D	WDR59	YWHAH
	TYRO3	UPF3B	VPS16	WDR6	ZBED3-AS1

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	TYSND1	UPK3A	VPS18	WDR73	ZBTB11-AS1
	TYW1	UQCC1	VPS26C	WDR77	ZBTB34
	TYW1B	URB1	VPS33A	WDR81	ZBTB40
	U2AF1L4	UROS	VPS33B	WDR90	ZBTB45
	UAP1L1	USB1	VPS35	WDR97	ZBTB47
	UBA1	USE1	VPS35L	WDTC1	ZBTB48
	UBA7	USF1	VPS36	WIPF1	ZBTB7A
	UBAC2	USF2	VPS37C	WIPF2	ZBTB7B
	UBALD1	USP10	VPS39	WIP1	ZBTB7C
	UBALD2	USP11	VPS41	WIP2	ZC3H10
	UBAP2	USP19	VPS45	WIZ	ZC3H18
	UBAP2L	USP20	VPS4A	WLS	ZC3H3
	UBASH3B	USP21	VPS4B	WRAP73	ZC3H4
	UBE2G2	USP22	VPS52	WSB1	ZC3H7B
	UBE2H	USP27X-DT	VPS53	WSB2	ZC3HAV1
	UBE2I	USP32	VPS54	WWC2	ZC3HC1
	UBE2J2	USP35	VPS9D1	WWC3	ZCCHC14
	ZCCHC24	ZNF207	ZNF512	ZNF7	ZSWIM3
	ZCCHC8	ZNF213	ZNF512B	ZNF701	ZSWIM4
	ZCCHC9	ZNF213-AS1	ZNF514	ZNF707	ZSWIM8
	ZDHHC16	ZNF217	ZNF516	ZNF710	ZSWIM9
	ZDHHC18	ZNF221	ZNF517	ZNF710-AS1	ZW10
	ZDHHC20P4	ZNF224	ZNF521	ZNF713	ZXDC
	ZDHHC24	ZNF226	ZNF526	ZNF731P	ZYX
	ZDHHC3	ZNF235	ZNF528	ZNF738	ZZEF1
	ZDHHC5	ZNF250	ZNF528-AS1	ZNF740	
	ZDHHC7	ZNF251	ZNF529-AS1	ZNF746	
	ZDHHC8	ZNF274	ZNF544	ZNF747	
	ZER1	ZNF276	ZNF546	ZNF749	
	ZFAND2A-DT	ZNF282	ZNF548	ZNF75A	
	ZFAND3	ZNF284	ZNF554	ZNF75D	
	ZFHX2-AS1	ZNF3	ZNF559-ZNF177	ZNF76	
	ZFP14	ZNF316	ZNF561-AS1	ZNF761	
	ZFP28	ZNF319	ZNF563	ZNF763	
	ZFP90	ZNF320	ZNF565	ZNF764	
	ZFP92	ZNF324	ZNF566-AS1	ZNF767P	
	ZFPL1	ZNF324B	ZNF56P	ZNF768	
	ZFPM1	ZNF330	ZNF571-AS1	ZNF778	
	ZFYVE16	ZNF333	ZNF573	ZNF783	
	ZFYVE19	ZNF334	ZNF576	ZNF785	
	ZFYVE21	ZNF335	ZNF577	ZNF788P	
	ZFYVE26	ZNF337	ZNF578	ZNF789	
	ZFYVE27	ZNF33A	ZNF579	ZNF79	
	ZFYVE28	ZNF341	ZNF580	ZNF793	
	ZGLP1	ZNF343	ZNF587	ZNF808	
	ZGPAT	ZNF346	ZNF592	ZNF814	
	ZKSCAN3	ZNF347	ZNF606	ZNF83	
	ZKSCAN7	ZNF362	ZNF609	ZNF839	
	ZMYM3	ZNF366	ZNF611	ZNF841	

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Turkuaz	ZMYM5	ZNF674			
	ZMYM6	ZNF687			
	ZMYND10	ZNF69			
	ZMYND15	ZNF691			
	ZMYND8	ZNF692			
	ZNF106	ZNF696			
	ZNF117	ZNF846			
	ZNF135	ZNF862			
	ZNF137P	ZNF865			
	ZNF142	ZNF875			
	ZNF143	ZNF891			
	ZNF154	ZNF8-DT			
	ZNF160	ZNF93			
	ZNF169	ZNFX1			
	ZNF17	ZNHIT1			
	ZNF182	ZNRD2-DT			
	ZNF20	ZNRF1			
	ZNF200	ZPR1			
	ZNF37A	ZRSR2			
	ZNF37BP	ZSCAN18			
	ZNF383	ZSCAN25			
	ZNF384	ZSCAN29			
	ZNF396	ZSCAN30			
	ZNF398	ZSCAN5A			
	ZNF417				
	ZNF418				
	ZNF440				
	ZNF445				
	ZNF446				
	ZNF449				
	ZNF45				
	ZNF467				
	ZNF471				
	ZNF491				
	ZNF496				
	ZNF500				
	ZNF619				
	ZNF620				
	ZNF621				
	ZNF628				
	ZNF629				
	ZNF641				
	ZNF646				
	ZNF649				
	ZNF652-AS1				
	ZNF653				
	ZNF655				
	ZNF672				

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Mavi	A1BG	BRD9	DTX2P1	KCND1	MIR374A
	AARSD1	BRF1	EAF1-AS1	KCNIP2	MIR3936HG
	ABCA17P	BTBD7P1	EEFSEC	KCTD13	MIR4518
	ABCC10	C1RL-AS1	EFCAB8	KIAA1614	MIR4714
	ACAD9	C20orf204	EGLN2	KLHDC4	MIR6819
	ACOX3	C3orf62	EHMT1	KMT2B	MIR7152
	ACSF3	C9orf43	EMC1-AS1	KMT2D	MLXIP
	ACTG1P17	CA15P1	EPHB1	KRT18P26	MMP25-AS1
	ADAMTSL4-AS1	CABIN1	EPN1	KRT18P5	MNT
	ADAMTSL4-AS2	CAMTA2	EPS15L1	L3MBTL1	MORN1
	ADCK1	CAPN3	ERI3-IT1	LENG8	MSANTD1
	ADCY4	CATSPER2	ERICH1	LIMK2	MSH2-OT1
	ADGRF3	CATSPERG	EXTL3-AS1	LINC00265	MSH5
	ADIRF-AS1	CBR3-AS1	FAM157B	LINC00412	MTG1
	AFG3L1P	CBX3P4	FAM157C	LINC00598	MTND5P15
	AGER	CCDC120	FAM193A	LINC00672	MUC1
	AK4P4	CCDC57	FAM229A	LINC00893	MUC20
	AKNA	CCDC88C	FBR5	LINC00894	MUC39
	ALOX12-AS1	CDH26	FBXO42	LINC00921	MUC58
	ALPK1	CDK11A	FBXW4P1	LINC00954	MYO1A
	ALPK3	CEL	FDPSP4	LINC01001	MZF1
	ALPL	CELSR3	FUNDC2P4	LINC01002	NARF-IT1
	AMBRA1	CENATAC	GAPDHP76	LINC01136	NDE1
	ANKFY1	CHRNA10	GAS6-AS1	LINC01347	NDUFA6-DT
	ANKRD11	CLEC18A	GHRL	LINC01359	NFYC
	ANKRD24	CNOT3	GHRLOS	LINC01588	NIM1K
	ANKS1A	COG7	GNAS-AS1	LINC01772	NLRP1
	AOC3	CROCCP3	GNL3L	LINC02012	NME2
	AP2A2	CRTC1	GRID2IP	LINC02102	NOD1
	ARHGAP33	CSAD	GRM2	LINC02809	NOL4L
	ARMC9	CTSK	GSTO2	LINC02883	NPRL3
	ARMH2	CUL9	GUSBP14	LINC02887	NTN5
	ASIC3	CYB5RL	HAMP	LMF1	OGG1
	ATP2C2-AS1	CYP21A1P	HDAC4	LOXL2	PABPC1L
	ATP5MGP6	CYP2D6	HEXD-IT1	LRP5L	PCBP1-AS1
	ATP6V0C	CYP2D7	HMGB1P31	LRRC29	PCSK7
	ATP7B	CYP2D8P	HPX	MAML1	PDE2A
	ATPAF2	DAPK1-IT1	HSPE1P18	MAU2	PDE6B-AS1
	ATXN2L	DAPK2	IFITM3P3	MBD6	PDPR2P
	B3GNTL1	DARS1-AS1	IFT172	MC1R	PDXDC2P
	BAIAP2L2	DDX12P	IGF1R	MED12	PGS1
	BAK1P1	DGCR11	IGHV3-37	MED15	PHKA2
	BANF1P2	DGLUCY	IGSF9B	MEF2B	PIGG
	BANP	DHDDS-AS1	IL18BP	METTTL22	PIGL
	BBS1	DNAAF5	IL21R-AS1	MGRN1	PIGO
	BCKDHA	DNAH1	INE1	MICE	PITPNM2
	BCL9L	DNAH17	IQSEC3	MIR148B	PLEKHM1P1
	BCORL1	DNHD1	ITFG2	MIR29B2CHG	PLIN4
	BICRA	DNM1P47	JMJD7	MIR320E	PLXNA3
	BLZF2P	DPEP3	KCNAB3	MIR3667HG	PNPLA7

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Mavi	POLE	RPL17P15	SYMPK		
	POLR1A	RPL32P3	SYNE3		
	POLR2J3	RPL34P20	SYNGAP1		
	POMT2	RPL36AP15	SZT2		
	PPARD	RPS10P7	TAF4		
	PPCDC	RPS12P27	TAF9P3		
	PPIEL	RPS20P33	TBC1D22A		
	PPP1R32	RPTOR	TEKT2		
	PRC1-AS1	RRN3P3	TG		
	PRKXP1	RSKR	TIAF1		
	PROM2	RTEL1P1	TIRAP		
	PROSER3	RTEL1-TNFRSF6B			
	PRR12	RUNX3-AS1	TMEM106A		
	PRRT3-AS1	RUSC1-AS1	TMEM198B		
	PTPN23	SAP30L-AS1	TMPRSS13		
	PTPRVP	SAPCD1	TNNT3		
	PYGM	SCARF2	TNXB		
	RAB11FIP3	SCART1	TOM1L2		
	RAD51D	SCLY	TOX4P1		
	RANBP10	SCNN1A	TPCN1		
	RAPGEFL1	SEC31B	TPGS1		
	RAPSN	SEMA3B	TPT1-AS1		
	RASL10B	SEMA4D	TRIM14		
	RBM14	SEPSECS-AS1	TRIM66		
	RFPL3S	SERINC5	TRMT2B-AS1		
	RHOA-IT1	SETD1B	TRMT44		
	RHOT1P1	SFSWAP	TRPV1		
	RN7SKP292	SH3D21	TTC34		
	RN7SKP30	SLC22A13	TTLL3		
	RN7SL192P	SLC22A20P	TUBA8		
	RN7SL239P	SLC25A25-AS1	UBAP1L		
	RN7SL364P	SLC25A35	UBE2Q2P2		
	RN7SL368P	SLC35E3	UCKL1-AS1		
	RN7SL431P	SLC38A7	UCP3		
	RN7SL600P	SLC7A8	UNK		
	RN7SL833P	SLC9A1	UNKL		
	RNF212	SMARCE1P6	UPK3B		
	RNF216P1	SMG6	UVSSA		
	RNF44	SMG9	VAC14		
	RNU1-91P	SMIM7	VPS9D1-AS1		
	RNU6-1176P	SMPD4BP	WBP1LP1		
	RNU6-177P	SORBS3	WDR25		
	RNU6-181P	SPG7	WDR4		
	RNU6-322P	SRRM2-AS1	WDR91		
	RNU6-611P	SRRM5	WTIP		
	RNU6-769P	STAG3L2	XYLB		
	RNU6-878P	STAG3L5P	ZFP41		
	RNU6-881P	STX16-NPEPL1	ZFP64		
	RNU7-40P	SUDS3P1	ZFYVE1		
	RPAP1	SVIL			

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Kahverengi	ACACB	ECE1-AS1	KHDC1-AS1	NYAP1	SOCS2-AS1
	ACER1	ECHDC2	KIF5A	OBSCN	SORL1-AS1
	ADAMTS10	EDAR	KLF3-AS1	OBSCN-AS1	SPACA6
	ADAMTS4	EGFL8	KLHL29	PCED1B	SPEG
	ADAMTS7P1	ELAPOR1	KLHL3	PCSK5	SPRED3
	ADAMTSL5	ENO2	KRT72	PCYOX1L	STRC
	ADGRL1	ENOSF1	KRT73-AS1	PDE9A	SUSD4
	AFAP1	EPHA1	KRTCAP3	PGGHG	SYNJ2
	ALS2CL	EPHX2	LAMB2P1	PGLS-DT	TCF7
	APBA2	ERFL	LAMC3	PHF2P2	TESPA1
	ARHGEF10	FAHD2CP	LAT	PIK3IP1-DT	THA1P
	ARRDC5	FAM102A	LCMT1-AS1	PILRB	TM4SF19-AS1
	ATP10A	FAM153A	LEF1	PLCG1	TMC3-AS1
	AZIN2	FAM178B	LEF1-AS1	PLEKHA6	TMEM25
	BBS5	FAM86DP	LGALS4	PLEKHH2	TMEM272
	BDH1	FAM86HP	LINC00243	PLLP	TMEM63A
	BRPF3-AS1	FHIT	LINC00563	PLPP1	TNRC6C
	C1QTNF6	FIRRE	LINC00565	PLSCR3	TRABD2A
	C21orf62-AS1	FITM2	LINC00649	PLXDC1	TRAJ52
	C2orf50	FRMD4A	LINC00659	PNMA3	TRBJ1-6
	CACHD1	GABPB1-AS1	LINC01089	POU6F1	TRBV23-1
	CACNA1C-AS1	GAL3ST4	LINC01395	PPP1R3E	TRIM73
	CACNA1I	GALT	LINC01550	PRKCQ-AS1	UBASH3A
	CALML6	GAREM2	LINC01891	PRPF40B	VAMP1
	CBY1	GCATP1	LINC02298	PSMG4	VWA3A
	CCDC85C	GGT7	LINC02325	QRICH2	WEE2-AS1
	CCNI2	GNB3	LINC02580	RAD51-AS1	ZDHHC15
	CCR12P	GOLGA6L10	LINC02878	RCCD1	ZNF497
	CD6	GOLGA7B	LSR	RDH13	ZNF589
	CDNF	GOLGA8A	LTBP3	REM2	ZNF594-DT
	CENATAC-DT	GOLGA8B	MAN1C1	RIBC1	ZNF662
	CEROX1	GOLGA8M	MAP3K14-AS1	RN7SL688P	ZNF815P
	CERS3	GPC2	MCF2L	RNF144A	ZSCAN23
	CFL1P1	GPRASP1	MCM3AP-AS1	RNF157	ZSWIM5
	CHKB-DT	GPRC5B	MDS2	RNU6ATAC18P	
	CHRM3-AS2	GSDMB	ME3	RPS6KL1	
	CLDN15	GSTM2	MFGE8	RPS6P25	
	CNNM1	H3-3A-DT	MPP2	SARDH	
	COL27A1	HCG27	MRNIP	SCAND2P	
	CTC1	HDAC10	MRPS24	SFI1	
	DBH-AS1	HEMK1	MTUS1	SFXN2	
	DDB2	HNRNPA1P16	MYCBPAP	SH3RF3	
	DGKA	IL11RA	MYH3	SHISAL2A	
	DIP2C	INSL3	NKD1	SLC22A17	
	DISP3	IPO5P1	NLGN2	SLC22A23	
	DLEC1	IQCA1	NLRP6	SLC5A5	
	DNMT3A	KALRN	NMNAT3	SLC7A6	
	DRICH1	KANK1	NPAS2	SMIM10L2A	
	DUXAP1	KDM2B-DT	NRBF2P6	SNHG20	

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Sarı	ARHGAP42	KHDRBS2			
	BACE2	KIF18A			
	BANK1	LINC01781			
	BEND4	MACC1			
	BHLHE41	MACROD2			
	BRCA2	MET			
	CCDC50	MOXD1			
	CD80	MS4A1			
	CDK14	NDC80			
	COBLL1	NEK2			
	COL4A4	NPM1P25			
	DENND5B	OSBPL10			
	DNAH8	PLEKHG1			
	DTNB-AS1	PLEKHG7			
	EBF1	RAB30			
	ELL2	RALGPS2			
	FAM111B	SETBP1			
	GPRC5D	SOX5			
	GRAMD1C	STEAP1B			
	HRK	TENT5C			
	IFT57	TEX9			
	IGHA1	THAP12P7			
	IGHA2	UTS2B			
	IGHV5-51	WEE1			
	IGHV5-78	ZYG11A			
	IGKV1-16				
	IGKV1-5				
	IGKV1-6				
	IGKV1D-16				
	IGKV4-1				
	IGKV6-21				
	IGLC3				
	IGLC7				
	IGLV1-40				
	IGLV1-47				
	IGLV2-23				
	IGLV3-19				
	IGLV3-21				
	IGLV3-25				
	IGLV3-27				
	IGLV4-69				
	IGLV6-57				
	IGLV9-49				
	IGLVI-70				
	IL12A				
	JADE3				
	JCHAIN				

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Yeşil	AIDAP2	TMTC2			
	AVIL	TRMT9B			
	BMP2K	WDFY3			
	CEACAM19	ZNF438			
	CLCN5	ZSWIM6			
	CLEC12B				
	CLEC1A				
	CLMN				
	CNTLN				
	CREB5				
	CYP1B1-AS1				
	DMXL2				
	DNAAF11				
	DOCK4				
	DOCK5				
	DPRXP4				
	FGD4				
	FZD5				
	GASK1B-AS1				
	GPR141				
	HMGA2-AS1				
	HORMAD1				
	KIAA1614-AS1				
	KRT23				
	LINC00877				
	LINC02018				
	LINC02257				
	MAK				
	MIR4477B				
	MIR6774				
	NAIP				
	NAIPP2				
	NHS				
	NHSL2				
	PEAK3				
	PLAGL1				
	PLD1				
	RASAL2				
	RBM47				
	RNF217				
	SIPA1L2				
	SLC22A15				
	SLC25A37				
	SLC8A1				
	ST20				
	STK3				
	TET2				
	TMEM144				

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Kırmızı	MIR3609	SNORA74D			
	RN7SKP227	SNORA80B			
	RN7SL1	SNORD105B			
	RN7SL151P	SNORD15B			
	RN7SL2	SNORD17			
	RN7SL3	SNORD3A			
	RN7SL359P	SNORD3C			
	RN7SL408P	SNORD8			
	RN7SL546P	SNORD89			
	RN7SL564P	SNORD94			
	RN7SL5P				
	RN7SL665P				
	RN7SL674P				
	RN7SL752P				
	RN7SL767P				
	RNU4-1				
	RNU4-2				
	RNU5A-1				
	RNU5B-1				
	RNU6ATAC				
	RNVU1-31				
	RNVU1-7				
	RNY1				
	RNY4				
	SCARNA1				
	SCARNA18				
	SCARNA5				
	SCARNA6				
	SNORA12				
	SNORA14A				
	SNORA20				
	SNORA22				
	SNORA22C				
	SNORA23				
	SNORA24B				
	SNORA26				
	SNORA37				
	SNORA38				
	SNORA46				
	SNORA53				
	SNORA54				
	SNORA5A				
	SNORA71B				
	SNORA71D				
	SNORA72				
	SNORA73B				
	SNORA74A				
	SNORA74B				

Ek-1C: GSE141646 WGCNA Modülleri Gen Listesi

MODÜL	GENLER				
Siyah	ABCC3	TGFB1I1			
	ACER2	TMTC1			
	ADCY6	TPM1			
	ANK1	TRHDE			
	ANO6	TTC7B			
	ARHGAP18	TTLL7			
	CALHM5	VCL			
	CDH6	VWF			
	CEMIP	ZNF185			
	CLU				
	CNN1				
	COL10A1				
	CRACD				
	CYP19A1				
	DAB2				
	DMTN				
	F13A1				
	F2RL3				
	FRMD3				
	FSTL4				
	GATA1				
	GET1				
	GFI1B				
	HOMER2				
	IGFBP2				
	ITGA2B				
	ITGA9-AS1				
	ITGB5				
	LCN2				
	MAP1A				
	MAX				
	MGLL				
	MISP3				
	MPP1				
	PDGFA				
	PEAR1				
	PGAM1P8				
	PTGES3L				
	PTGS1				
	RUFY1				
	SCN1B				
	SEC14L5				
	SEPTIN5				
	SLC18A2				
	SLC40A1				
	SPTB				
	SYTL4				
	TAL1				

Ek-2: WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları
Ek-2A: GSE25101 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	239	4.20E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0046483	heterocycle metabolic process	363	2.82E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044238	primary metabolic process	595	3.63E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0008152	metabolic process	654	4.03E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0071704	organic substance metabolic process	629	6.11E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044237	cellular metabolic process	607	7.93E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:1901360	organic cyclic compound metabolic process	375	9.73E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006139	nucleobase-containing compound metabolic process	350	1.18E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006725	cellular aromatic compound metabolic process	361	1.37E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051640	organelle localization	62	1.40E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006807	nitrogen compound metabolic process	567	1.92E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006396	RNA processing	83	5.72E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016032	viral process	83	5.95E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044085	cellular component biogenesis	218	1.10E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034641	cellular nitrogen compound metabolic process	385	1.40E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090304	nucleic acid metabolic process	316	1.42E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070727	cellular macromolecule localization	132	1.54E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0033036	macromolecule localization	204	1.95E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044249	cellular biosynthetic process	365	2.16E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006996	organelle organization	257	2.17E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046112	nucleobase biosynthetic process	7	3.14E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019856	pyrimidine nucleobase biosynthetic process	5	3.31E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016070	RNA metabolic process	286	3.65E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006397	mRNA processing	49	4.13E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009894	regulation of catabolic process	84	4.18E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034613	cellular protein localization	129	4.21E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008104	protein localization	175	5.52E-02
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0006518	peptide metabolic process	95	2.21E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0043043	peptide biosynthetic process	85	2.37E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0006412	translation	83	2.78E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0043933	protein-containing complex subunit organization	150	2.78E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0071840	cellular component organization or biogenesis	353	3.98E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0043604	amide biosynthetic process	88	1.03E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0034641	cellular nitrogen compound metabolic process	339	1.58E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0006414	translational elongation	30	1.59E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0043603	cellular amide metabolic process	104	3.44E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0070125	mitochondrial translational elongation	23	1.21E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0070126	mitochondrial translational termination	23	1.58E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0032543	mitochondrial translation	28	1.73E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0006996	organelle organization	235	2.77E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0006415	translational termination	24	8.93E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0046907	intracellular transport	122	2.07E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0016071	mRNA metabolic process	77	3.11E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0010467	gene expression	315	3.25E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0044237	cellular metabolic process	489	3.35E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0044085	cellular component biogenesis	198	3.90E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0016043	cellular component organization	333	3.91E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0140053	mitochondrial gene expression	29	6.08E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0034622	cellular protein-containing complex assembly	91	7.26E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0043624	cellular protein complex disassembly	33	4.06E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0032984	protein-containing complex disassembly	41	4.37E-08

Ek-2A: GSE25101 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:1901566	organonitrogen compound biosynthetic process	124	2.14E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0065003	protein-containing complex assembly	116	2.20E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0006396	RNA processing	79	4.06E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0008152	metabolic process	512	1.02E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0044267	cellular protein metabolic process	268	1.07E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	47	1.63E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0008380	RNA splicing	46	1.89E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006974	cellular response to DNA damage stimulus	71	1.94E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0022411	cellular component disassembly	53	2.23E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006119	oxidative phosphorylation	24	3.47E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051649	establishment of localization in cell	160	4.86E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006807	nitrogen compound metabolic process	448	5.35E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	192	5.47E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0044271	cellular nitrogen compound biosynthetic process	255	7.64E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0002181	cytoplasmic translation	23	1.36E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0022607	cellular component assembly	172	1.78E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0019538	protein metabolic process	286	3.46E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006139	nucleobase-containing compound metabolic process	279	4.78E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0000375	RNA splicing, via transesterification reactions	37	5.64E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0007005	mitochondrion organization	49	6.23E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0034645	cellular macromolecule biosynthetic process	251	8.74E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0044238	primary metabolic process	459	1.11E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009059	macromolecule biosynthetic process	253	1.13E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044260	cellular macromolecule metabolic process	379	1.24E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0033554	cellular response to stress	126	1.26E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0000377	RNA splicing, via transesterification reactions with bulged adenosine as nucleophile	36	1.42E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0000398	mRNA splicing, via spliceosome	36	1.42E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043170	macromolecule metabolic process	430	2.18E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0000956	nuclear-transcribed mRNA catabolic process	26	2.26E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0042254	ribosome biogenesis	34	2.32E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006725	cellular aromatic compound metabolic process	284	2.47E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:1901564	organonitrogen compound metabolic process	320	2.48E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0015031	protein transport	107	2.63E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0046483	heterocycle metabolic process	282	2.79E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0045047	protein targeting to ER	18	2.82E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0045184	establishment of protein localization	112	2.92E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006402	mRNA catabolic process	37	3.15E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006613	cotranslational protein targeting to membrane	17	4.18E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006397	mRNA processing	45	4.79E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0072599	establishment of protein localization to endoplasmic reticulum	18	4.90E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0090304	nucleic acid metabolic process	253	5.51E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006401	RNA catabolic process	39	5.71E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0070972	protein localization to endoplasmic reticulum	20	7.84E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009060	aerobic respiration	24	8.81E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	16	9.58E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044249	cellular biosynthetic process	290	9.70E-04

Ek-2A: GSE25101 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	18	1.37E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1903047	mitotic cell cycle process	66	1.56E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0000278	mitotic cell cycle	73	1.61E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006605	protein targeting	36	1.89E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0072594	establishment of protein localization to organelle	43	1.92E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901576	organic substance biosynthetic process	291	2.53E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0033108	mitochondrial respiratory chain complex assembly	16	2.56E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071704	organic substance metabolic process	478	2.78E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0019646	aerobic electron transport chain	15	2.93E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051276	chromosome organization	80	3.84E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006364	rRNA processing	27	4.43E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009058	biosynthetic process	293	4.78E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0033365	protein localization to organelle	65	6.03E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006886	intracellular protein transport	66	6.17E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901360	organic cyclic compound metabolic process	286	6.17E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044265	cellular macromolecule catabolic process	78	6.24E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042775	mitochondrial ATP synthesis coupled electron transport	15	7.59E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042773	ATP synthesis coupled electron transport	15	8.63E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016072	rRNA metabolic process	27	8.97E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0008104	protein localization	141	9.72E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006259	DNA metabolic process	64	1.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071826	ribonucleoprotein complex subunit organization	22	1.45E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006281	DNA repair	44	1.55E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016070	RNA metabolic process	224	1.65E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006289	nucleotide-excision repair	15	2.02E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045333	cellular respiration	24	2.24E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0022618	ribonucleoprotein complex assembly	21	2.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071705	nitrogen compound transport	119	3.08E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1901990	regulation of mitotic cell cycle phase transition	36	3.19E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071824	protein-DNA complex subunit organization	30	3.21E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0022402	cell cycle process	82	3.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044248	cellular catabolic process	126	3.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009057	macromolecule catabolic process	86	3.53E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044772	mitotic cell cycle phase transition	43	3.76E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0033036	macromolecule localization	158	3.99E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007049	cell cycle	103	4.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046034	ATP metabolic process	28	4.40E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034655	nucleobase-containing compound catabolic process	42	4.47E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006612	protein targeting to membrane	22	4.86E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03010	Ribosome	33	1.06E-13
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04714	Thermogenesis	31	3.62E-07
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03040	Spliceosome	21	6.22E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00190	Oxidative phosphorylation	19	1.59E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05012	Parkinson disease	27	2.78E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05016	Huntington disease	30	6.14E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04120	Ubiquitin mediated proteolysis	17	4.60E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05014	Amyotrophic lateral sclerosis	31	6.64E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05020	Prion disease	24	2.98E-02

Ek-2A: GSE25101 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Mavi	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04932	Non-alcoholic fatty liver disease	16	3.87E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05010	Alzheimer disease	29	4.78E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03050	Proteasome	8	4.87E-02
Kahverengi	GO Biyolojik Proses	GO:0016071	mRNA metabolic process	39	4.88E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006397	mRNA processing	27	1.19E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006396	RNA processing	38	5.90E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0016070	RNA metabolic process	109	1.56E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006139	nucleobase-containing compound metabolic process	126	2.25E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046483	heterocycle metabolic process	128	3.94E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0034641	cellular nitrogen compound metabolic process	138	5.43E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0008380	RNA splicing	22	5.54E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071229	cellular response to acid chemical	9	6.59E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901360	organic cyclic compound metabolic process	132	6.63E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0010467	gene expression	131	8.49E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044237	cellular metabolic process	203	8.81E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0090304	nucleic acid metabolic process	115	9.12E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006725	cellular aromatic compound metabolic process	127	1.08E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05131	Shigellosis	13	7.82E-03
Sarı	GO Biyolojik Proses	GO:0031326	regulation of cellular biosynthetic process	94	1.20E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0031328	positive regulation of cellular biosynthetic process	57	1.89E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0009889	regulation of biosynthetic process	94	2.92E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0009891	positive regulation of biosynthetic process	57	3.89E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0044271	cellular nitrogen compound biosynthetic process	103	4.38E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0034645	cellular macromolecule biosynthetic process	103	6.08E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:2000112	regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	89	8.17E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0010556	regulation of macromolecule biosynthetic process	89	1.24E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0044249	cellular biosynthetic process	117	1.29E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0009059	macromolecule biosynthetic process	103	1.31E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0016070	RNA metabolic process	97	1.44E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0010557	positive regulation of macromolecule biosynthetic process	53	1.63E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0034641	cellular nitrogen compound metabolic process	121	2.22E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051252	regulation of RNA metabolic process	84	2.68E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006139	nucleobase-containing compound metabolic process	110	3.26E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:1901576	organic substance biosynthetic process	117	3.32E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0090304	nucleic acid metabolic process	103	3.68E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006725	cellular aromatic compound metabolic process	112	6.74E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051254	positive regulation of RNA metabolic process	50	8.48E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0009058	biosynthetic process	117	8.94E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0046483	heterocycle metabolic process	111	9.62E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0031325	positive regulation of cellular metabolic process	75	1.07E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0019219	regulation of nucleobase-containing compound metabolic process	86	1.51E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:1901360	organic cyclic compound metabolic process	113	4.16E-05

Ek-2A: GSE25101 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Sarı	GO Biyolojik Proses	GO:0044237	cellular metabolic process	167	5.37E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0045935	positive regulation of nucleobase-containing compound metabolic process	51	5.98E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051173	positive regulation of nitrogen compound metabolic process	70	6.33E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0034654	nucleobase-containing compound biosynthetic process	85	8.78E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0018130	heterocycle biosynthetic process	86	8.95E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006351	transcription, DNA-templated	78	8.99E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0097659	nucleic acid-templated transcription	78	9.21E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0019438	aromatic compound biosynthetic process	86	1.00E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032774	RNA biosynthetic process	78	1.11E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:1901362	organic cyclic compound biosynthetic process	88	1.21E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0010467	gene expression	111	1.37E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044260	cellular macromolecule metabolic process	138	1.63E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009893	positive regulation of metabolic process	79	2.58E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:1903508	positive regulation of nucleic acid-templated transcription	44	2.75E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0045893	positive regulation of transcription, DNA-templated	44	2.75E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:1902680	positive regulation of RNA biosynthetic process	44	2.80E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0048523	negative regulation of cellular process	96	4.13E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044238	primary metabolic process	161	5.65E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006355	regulation of transcription, DNA-templated	73	6.33E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051171	regulation of nitrogen compound metabolic process	105	6.38E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:1903506	regulation of nucleic acid-templated transcription	73	6.47E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:2001141	regulation of RNA biosynthetic process	73	6.85E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0080090	regulation of primary metabolic process	107	8.33E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0031323	regulation of cellular metabolic process	110	8.49E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0010604	positive regulation of macromolecule metabolic process	73	9.30E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006807	nitrogen compound metabolic process	155	9.46E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0016071	mRNA metabolic process	29	1.16E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009890	negative regulation of biosynthetic process	45	1.65E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048522	positive regulation of cellular process	103	2.12E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016032	viral process	31	2.13E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031327	negative regulation of cellular biosynthetic process	44	2.55E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031324	negative regulation of cellular metabolic process	60	2.96E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:2000113	negative regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	42	4.70E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0010558	negative regulation of macromolecule biosynthetic process	42	5.55E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051172	negative regulation of nitrogen compound metabolic process	56	6.98E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071704	organic substance metabolic process	165	1.11E-02

Ek-2A: GSE25101 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Sarı	GO Biyolojik Proses	GO:0010468	regulation of gene expression	92	1.23E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043170	macromolecule metabolic process	148	1.45E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008152	metabolic process	170	1.48E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048519	negative regulation of biological process	100	1.52E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043933	protein-containing complex subunit organization	46	1.70E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008380	RNA splicing	18	1.90E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0065003	protein-containing complex assembly	41	2.20E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051253	negative regulation of RNA metabolic process	36	3.45E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045892	negative regulation of transcription, DNA-templated	34	3.76E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903507	negative regulation of nucleic acid-templated transcription	34	3.88E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1902679	negative regulation of RNA biosynthetic process	34	4.00E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048518	positive regulation of biological process	106	4.49E-02
Yeşil	GO Biyolojik Proses	GO:0090304	nucleic acid metabolic process	66	5.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006139	nucleobase-containing compound metabolic process	70	7.21E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046483	heterocycle metabolic process	70	2.33E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006725	cellular aromatic compound metabolic process	70	3.08E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044237	cellular metabolic process	107	4.82E-02
Kırmızı	GO Biyolojik Proses	GO:0045637	regulation of myeloid cell differentiation	11	1.25E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04613	Neutrophil extracellular trap formation	9	4.28E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05322	Systemic lupus erythematosus	7	1.60E-02

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0006412	translation	221	9.67E-70
	GO Biyolojik Proses	GO:0043043	peptide biosynthetic process	223	5.91E-68
	GO Biyolojik Proses	GO:0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	161	7.27E-64
	GO Biyolojik Proses	GO:0043604	amide biosynthetic process	232	1.86E-60
	GO Biyolojik Proses	GO:0042254	ribosome biogenesis	130	1.42E-58
	GO Biyolojik Proses	GO:0006518	peptide metabolic process	232	2.00E-58
	GO Biyolojik Proses	GO:0034660	ncRNA metabolic process	158	6.06E-53
	GO Biyolojik Proses	GO:0006364	rRNA processing	110	1.37E-52
	GO Biyolojik Proses	GO:0016072	rRNA metabolic process	111	1.36E-51
	GO Biyolojik Proses	GO:0043603	cellular amide metabolic process	256	4.07E-51
	GO Biyolojik Proses	GO:0034470	ncRNA processing	140	5.46E-51
	GO Biyolojik Proses	GO:1901566	organonitrogen compound biosynthetic process	324	7.66E-51
	GO Biyolojik Proses	GO:0006396	RNA processing	218	1.33E-48
	GO Biyolojik Proses	GO:0002181	cytoplasmic translation	79	4.78E-47
	GO Biyolojik Proses	GO:0006402	mRNA catabolic process	126	1.64E-46
	GO Biyolojik Proses	GO:0006401	RNA catabolic process	132	1.36E-45
	GO Biyolojik Proses	GO:0000956	nuclear-transcribed mRNA catabolic process	91	4.45E-44
	GO Biyolojik Proses	GO:0006613	cotranslational protein targeting to membrane	64	5.05E-44
	GO Biyolojik Proses	GO:0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	62	1.03E-43
	GO Biyolojik Proses	GO:0045047	protein targeting to ER	66	2.75E-43
	GO Biyolojik Proses	GO:0072599	establishment of protein localization to endoplasmic reticulum	66	6.77E-42
	GO Biyolojik Proses	GO:0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	68	9.23E-42
	GO Biyolojik Proses	GO:0016071	mRNA metabolic process	190	1.10E-41
	GO Biyolojik Proses	GO:0034655	nucleobase-containing compound catabolic process	147	1.11E-40
	GO Biyolojik Proses	GO:0034641	cellular nitrogen compound metabolic process	713	1.38E-40
	GO Biyolojik Proses	GO:0044237	cellular metabolic process	1019	1.63E-40
	GO Biyolojik Proses	GO:0044270	cellular nitrogen compound catabolic process	149	2.55E-37
	GO Biyolojik Proses	GO:0046700	heterocycle catabolic process	148	3.31E-37
	GO Biyolojik Proses	GO:0019439	aromatic compound catabolic process	148	1.51E-35
	GO Biyolojik Proses	GO:0006413	translational initiation	80	1.68E-35
	GO Biyolojik Proses	GO:0019080	viral gene expression	86	4.65E-35
	GO Biyolojik Proses	GO:0019083	viral transcription	75	6.23E-35
	GO Biyolojik Proses	GO:0070972	protein localization to endoplasmic reticulum	67	7.72E-35
	GO Biyolojik Proses	GO:1901361	organic cyclic compound catabolic process	149	7.61E-34
	GO Biyolojik Proses	GO:0032543	mitochondrial translation	63	1.02E-32
	GO Biyolojik Proses	GO:0140053	mitochondrial gene expression	68	4.46E-31
	GO Biyolojik Proses	GO:0008152	metabolic process	1053	1.82E-30
	GO Biyolojik Proses	GO:0006414	translational elongation	62	7.40E-30
	GO Biyolojik Proses	GO:0006605	protein targeting	106	8.80E-30
	GO Biyolojik Proses	GO:0044085	cellular component biogenesis	417	1.25E-29
	GO Biyolojik Proses	GO:0043933	protein-containing complex subunit organization	289	4.16E-29
	GO Biyolojik Proses	GO:0006612	protein targeting to membrane	74	1.78E-27
	GO Biyolojik Proses	GO:0044265	cellular macromolecule catabolic process	201	1.83E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0006415	translational termination	49	3.28E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0072594	establishment of protein localization to organelle	116	3.62E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0070126	mitochondrial translational termination	45	6.16E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0006139	nucleobase-containing compound metabolic process	599	7.01E-25

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0044271	cellular nitrogen compound biosynthetic process	543	8.71E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0046483	heterocycle metabolic process	612	1.24E-24
	GO Biyolojik Proses	GO:0010467	gene expression	632	1.67E-24
	GO Biyolojik Proses	GO:0070125	mitochondrial translational elongation	44	4.50E-24
	GO Biyolojik Proses	GO:0006807	nitrogen compound metabolic process	917	6.24E-24
	GO Biyolojik Proses	GO:0044267	cellular protein metabolic process	557	1.32E-23
	GO Biyolojik Proses	GO:0006725	cellular aromatic compound metabolic process	611	2.08E-23
	GO Biyolojik Proses	GO:1901576	organic substance biosynthetic process	636	2.24E-23
	GO Biyolojik Proses	GO:0046907	intracellular transport	244	6.19E-23
	GO Biyolojik Proses	GO:0007005	mitochondrion organization	117	1.29E-22
	GO Biyolojik Proses	GO:0090150	establishment of protein localization to membrane	93	1.55E-22
	GO Biyolojik Proses	GO:0044249	cellular biosynthetic process	624	5.80E-22
	GO Biyolojik Proses	GO:0009060	aerobic respiration	64	5.87E-22
	GO Biyolojik Proses	GO:0009057	macromolecule catabolic process	217	6.07E-22
	GO Biyolojik Proses	GO:0071840	cellular component organization or biogenesis	675	6.46E-22
	GO Biyolojik Proses	GO:0009058	biosynthetic process	637	1.02E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:1901564	organonitrogen compound metabolic process	676	1.05E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:1901360	organic cyclic compound metabolic process	624	1.28E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:0034622	cellular protein-containing complex assembly	182	1.36E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:0006119	oxidative phosphorylation	54	8.05E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:0045333	cellular respiration	69	8.90E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:0016032	viral process	164	2.81E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0044238	primary metabolic process	935	1.03E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0033365	protein localization to organelle	158	2.04E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0034645	cellular macromolecule biosynthetic process	525	2.70E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0009059	macromolecule biosynthetic process	530	2.89E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0071704	organic substance metabolic process	981	1.43E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0090304	nucleic acid metabolic process	534	1.75E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0044248	cellular catabolic process	292	4.29E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0042273	ribosomal large subunit biogenesis	35	5.39E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0065003	protein-containing complex assembly	230	7.34E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0022618	ribonucleoprotein complex assembly	57	4.65E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0071826	ribonucleoprotein complex subunit organization	58	5.58E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0016070	RNA metabolic process	486	6.74E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:1901575	organic substance catabolic process	279	1.12E-16
	GO Biyolojik Proses	GO:0006886	intracellular protein transport	153	2.17E-16
	GO Biyolojik Proses	GO:0015980	energy derivation by oxidation of organic compounds	76	2.43E-16
	GO Biyolojik Proses	GO:0009056	catabolic process	321	3.51E-16
	GO Biyolojik Proses	GO:0033108	mitochondrial respiratory chain complex assembly	39	1.73E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0019538	protein metabolic process	574	2.36E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0042775	mitochondrial ATP synthesis coupled electron transport	38	2.80E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0042773	ATP synthesis coupled electron transport	38	4.20E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0022904	respiratory electron transport chain	41	6.00E-15

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0019646	aerobic electron transport chain	36	1.08E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0044260	cellular macromolecule metabolic process	757	3.17E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0006091	generation of precursor metabolites and energy	98	4.82E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0010629	negative regulation of gene expression	193	1.20E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0043170	macromolecule metabolic process	856	1.45E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0043624	cellular protein complex disassembly	56	4.79E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0046034	ATP metabolic process	68	5.48E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0043488	regulation of mRNA stability	57	5.12E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0043487	regulation of RNA stability	58	1.21E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0051649	establishment of localization in cell	303	1.77E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0042274	ribosomal small subunit biogenesis	29	1.79E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0000375	RNA splicing, via transesterification reactions	71	1.86E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0022900	electron transport chain	47	2.05E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0072657	protein localization to membrane	109	2.19E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0061013	regulation of mRNA catabolic process	57	2.27E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	364	3.62E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0070727	cellular macromolecule localization	220	5.70E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0051668	localization within membrane	116	6.18E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0042255	ribosome assembly	26	6.42E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0008380	RNA splicing	81	9.42E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0000398	mRNA splicing, via spliceosome	69	1.27E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0000377	RNA splicing, via transesterification reactions with bulged adenosine as nucleophile	69	1.27E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0006996	organelle organization	411	1.95E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0045184	establishment of protein localization	218	3.51E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0006399	tRNA metabolic process	46	5.03E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0032984	protein-containing complex disassembly	65	5.10E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0010608	posttranscriptional regulation of gene expression	129	5.58E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0034613	cellular protein localization	215	5.89E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:1903311	regulation of mRNA metabolic process	70	1.06E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0015031	protein transport	206	1.14E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0022607	cellular component assembly	319	7.51E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0006403	RNA localization	48	1.06E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0071705	nitrogen compound transport	243	1.07E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0006839	mitochondrial transport	56	1.27E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0016043	cellular component organization	595	3.48E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0032981	mitochondrial respiratory chain complex I assembly	24	3.62E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0010257	NADH dehydrogenase complex assembly	24	3.62E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0006417	regulation of translation	80	3.98E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0033036	macromolecule localization	316	1.76E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0008104	protein localization	275	3.27E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0034248	regulation of cellular amide metabolic process	85	4.67E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0000470	maturation of LSU-rRNA	15	4.77E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0006397	mRNA processing	80	5.97E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:1990542	mitochondrial transmembrane transport	30	7.43E-07

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0051168	nuclear export	42	8.32E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0042407	cristae formation	16	1.26E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0036388	pre-replicative complex assembly	22	1.26E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0042776	mitochondrial ATP synthesis coupled proton transport	13	1.82E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0007006	mitochondrial membrane organization	35	2.90E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0031145	anaphase-promoting complex-dependent catabolic process	25	2.99E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0002479	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class I, TAP-dependent	23	3.32E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051169	nuclear transport	59	3.56E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0007007	inner mitochondrial membrane organization	20	3.87E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0009894	regulation of catabolic process	131	4.81E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006913	nucleocytoplasmic transport	58	6.81E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0061418	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to hypoxia	23	7.81E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006521	regulation of cellular amino acid metabolic process	21	8.11E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0050852	T cell receptor signaling pathway	40	9.68E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0070647	protein modification by small protein conjugation or removal	140	1.07E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0031329	regulation of cellular catabolic process	114	1.08E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0022411	cellular component disassembly	81	1.24E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0032446	protein modification by small protein conjugation	120	1.32E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0042590	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via MHC class I	23	1.34E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	19	1.35E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0044281	small molecule metabolic process	204	1.41E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0043039	tRNA aminoacylation	18	1.65E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006405	RNA export from nucleus	30	1.79E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0071426	ribonucleoprotein complex export from nucleus	30	2.17E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:1902600	proton transmembrane transport	34	2.18E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0043038	amino acid activation	18	2.35E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0000027	ribosomal large subunit assembly	13	2.43E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0071166	ribonucleoprotein complex localization	30	2.62E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006418	tRNA aminoacylation for protein translation	17	2.81E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0015985	energy coupled proton transport, down electrochemical gradient	13	4.23E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0015986	ATP synthesis coupled proton transport	13	4.23E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:1902036	regulation of hematopoietic stem cell differentiation	21	7.88E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:1901990	regulation of mitotic cell cycle phase transition	66	7.91E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0030490	maturation of SSU-rRNA	17	8.20E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006974	cellular response to DNA damage stimulus	109	8.65E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0009451	RNA modification	34	9.21E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0009145	purine nucleoside triphosphate biosynthetic process	20	1.12E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0033238	regulation of cellular amine metabolic process	22	1.45E-04

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:1901532	regulation of hematopoietic progenitor cell differentiation	23	1.92E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0046390	ribose phosphate biosynthetic process	37	2.05E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0050657	nucleic acid transport	35	2.20E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0050658	RNA transport	35	2.20E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0002474	antigen processing and presentation of peptide antigen via MHC class I	24	2.38E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006164	purine nucleotide biosynthetic process	37	2.67E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006520	cellular amino acid metabolic process	53	2.90E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051236	establishment of RNA localization	35	3.34E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	63	3.64E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0000463	maturation of LSU-rRNA from tricistronic rRNA transcript (SSU-rRNA, 5.8S rRNA, LSU-rRNA)	9	4.00E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009144	purine nucleoside triphosphate metabolic process	22	4.49E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009206	purine ribonucleoside triphosphate biosynthetic process	19	4.61E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009205	purine ribonucleoside triphosphate metabolic process	21	5.45E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043618	regulation of transcription from RNA polymerase II promoter in response to stress	25	6.00E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0045088	regulation of innate immune response	49	7.07E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006754	ATP biosynthetic process	17	7.16E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0070498	interleukin-1-mediated signaling pathway	24	7.75E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0019081	viral translation	10	8.08E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006123	mitochondrial electron transport, cytochrome c to oxygen	10	8.08E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0002218	activation of innate immune response	29	8.78E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0010972	negative regulation of G2/M transition of mitotic cell cycle	23	9.94E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0000291	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, exonucleolytic	13	1.03E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0072522	purine-containing compound biosynthetic process	37	1.07E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044772	mitotic cell cycle phase transition	76	1.14E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0010389	regulation of G2/M transition of mitotic cell cycle	36	1.16E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071702	organic substance transport	255	1.16E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009165	nucleotide biosynthetic process	43	1.17E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1902750	negative regulation of cell cycle G2/M phase transition	23	1.45E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0000460	maturation of 5.8S rRNA	13	1.51E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901991	negative regulation of mitotic cell cycle phase transition	42	1.62E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043620	regulation of DNA-templated transcription in response to stress	25	1.73E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0008033	tRNA processing	27	1.86E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009201	ribonucleoside triphosphate biosynthetic process	19	1.94E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901293	nucleoside phosphate biosynthetic process	43	1.97E-03

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0000086	G2/M transition of mitotic cell cycle	42	2.00E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0000154	rRNA modification	13	2.17E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031125	rRNA 3'-end processing	7	2.28E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009141	nucleoside triphosphate metabolic process	24	2.28E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0070646	protein modification by small protein removal	47	2.36E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0060218	hematopoietic stem cell differentiation	21	2.38E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009199	ribonucleoside triphosphate metabolic process	21	2.38E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009124	nucleoside monophosphate biosynthetic process	14	2.41E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016567	protein ubiquitination	104	2.44E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0015931	nucleobase-containing compound transport	40	2.49E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901796	regulation of signal transduction by p53 class mediator	35	2.58E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002223	stimulatory C-type lectin receptor signaling pathway	24	2.71E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071427	mRNA-containing ribonucleoprotein complex export from nucleus	24	2.71E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006406	mRNA export from nucleus	24	2.71E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0000469	cleavage involved in rRNA processing	11	2.71E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1990858	cellular response to lectin	24	3.21E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1990840	response to lectin	24	3.21E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009152	purine ribonucleotide biosynthetic process	32	3.22E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0010498	proteasomal protein catabolic process	66	3.32E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1902749	regulation of cell cycle G2/M phase transition	36	3.35E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043928	exonucleolytic catabolism of deadenylated mRNA	12	3.74E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0019752	carboxylic acid metabolic process	115	4.14E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0010605	negative regulation of macromolecule metabolic process	300	4.23E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0061157	mRNA destabilization	23	4.25E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007008	outer mitochondrial membrane organization	5	4.45E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0045040	protein insertion into mitochondrial outer membrane	5	4.45E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002220	innate immune response activating cell surface receptor signaling pathway	24	4.46E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009142	nucleoside triphosphate biosynthetic process	20	4.48E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0033554	cellular response to stress	209	5.13E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002758	innate immune response-activating signal transduction	24	5.25E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009260	ribonucleotide biosynthetic process	33	5.52E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0000288	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay	19	5.66E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006283	transcription-coupled nucleotide-excision repair	18	5.70E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044839	cell cycle G2/M phase transition	42	5.97E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0000387	spliceosomal snRNP assembly	13	5.99E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016579	protein deubiquitination	44	6.11E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0062125	regulation of mitochondrial gene expression	11	6.29E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002478	antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen	31	6.45E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006626	protein targeting to mitochondrion	22	6.66E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901987	regulation of cell cycle phase transition	69	7.01E-03

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0061014	positive regulation of mRNA catabolic process	23	7.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043632	modification-dependent macromolecule catabolic process	82	7.25E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0055086	nucleobase-containing small molecule metabolic process	77	7.41E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1903047	mitotic cell cycle process	107	7.53E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002183	cytoplasmic translational initiation	12	7.68E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0050779	RNA destabilization	23	8.25E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0072655	establishment of protein localization to mitochondrion	27	9.24E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0038061	NIK/NF-kappaB signaling	33	9.86E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007346	regulation of mitotic cell cycle	75	1.01E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006082	organic acid metabolic process	119	1.01E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070129	regulation of mitochondrial translation	10	1.02E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002831	regulation of response to biotic stimulus	57	1.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071453	cellular response to oxygen levels	38	1.19E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0072331	signal transduction by p53 class mediator	43	1.21E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070131	positive regulation of mitochondrial translation	8	1.26E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034250	positive regulation of cellular amide metabolic process	30	1.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031331	positive regulation of cellular catabolic process	60	1.36E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045089	positive regulation of innate immune response	35	1.38E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009987	cellular process	1274	1.40E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000462	maturation of SSU-rRNA from tricistronic rRNA transcript (SSU-rRNA, 5.8S rRNA, LSU-rRNA)	12	1.49E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0017004	cytochrome complex assembly	12	1.49E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070585	protein localization to mitochondrion	27	1.58E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019884	antigen processing and presentation of exogenous antigen	31	1.68E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000209	protein polyubiquitination	48	1.77E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043436	oxoacid metabolic process	115	1.83E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019693	ribose phosphate metabolic process	58	1.85E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045727	positive regulation of translation	26	1.90E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006259	DNA metabolic process	107	1.90E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1901797	negative regulation of signal transduction by p53 class mediator	11	1.92E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903320	regulation of protein modification by small protein conjugation or removal	38	1.94E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:2001242	regulation of intrinsic apoptotic signaling pathway	29	2.00E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903362	regulation of cellular protein catabolic process	39	2.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006163	purine nucleotide metabolic process	58	2.12E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000459	exonucleolytic trimming involved in rRNA processing	6	2.23E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000467	exonucleolytic trimming to generate mature 3'-end of 5.8S rRNA from tricistronic rRNA transcript	6	2.23E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009117	nucleotide metabolic process	67	2.31E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051028	mRNA transport	27	2.32E-02

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0072521	purine-containing compound metabolic process	60	2.33E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009127	purine nucleoside monophosphate biosynthetic process	9	2.50E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071035	nuclear polyadenylation-dependent rRNA catabolic process	5	2.51E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0106354	tRNA surveillance	5	2.51E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071046	nuclear polyadenylation-dependent ncRNA catabolic process	5	2.51E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071029	nuclear ncRNA surveillance	5	2.51E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071038	nuclear polyadenylation-dependent tRNA catabolic process	5	2.51E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071456	cellular response to hypoxia	34	2.60E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1904667	negative regulation of ubiquitin protein ligase activity	7	2.69E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031146	SCF-dependent proteasomal ubiquitin-dependent protein catabolic process	20	2.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903313	positive regulation of mRNA metabolic process	26	2.81E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0036294	cellular response to decreased oxygen levels	35	2.82E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903050	regulation of proteolysis involved in cellular protein catabolic process	35	2.82E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0033209	tumor necrosis factor-mediated signaling pathway	30	2.90E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009308	amine metabolic process	29	3.19E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1904872	regulation of telomerase RNA localization to Cajal body	8	3.76E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010499	proteasomal ubiquitin-independent protein catabolic process	9	3.84E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030163	protein catabolic process	106	4.27E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044770	cell cycle phase transition	79	4.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000278	mitotic cell cycle	116	4.32E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006753	nucleoside phosphate metabolic process	67	4.71E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044106	cellular amine metabolic process	28	4.94E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03010	Ribosome	91	6.01E-56
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00190	Oxidative phosphorylation	53	8.30E-21
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05012	Parkinson disease	72	6.09E-19
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05014	Amyotrophic lateral sclerosis	84	1.52E-15
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05016	Huntington disease	75	3.26E-15
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04714	Thermogenesis	63	6.47E-15
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05020	Prion disease	69	1.21E-14
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05171	Coronavirus disease - COVID-19	62	2.16E-14
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05010	Alzheimer disease	75	1.35E-10
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05415	Diabetic cardiomyopathy	51	1.92E-10
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05022	Pathways of neurodegeneration - multiple diseases	84	1.27E-08
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03040	Spliceosome	39	2.90E-08
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04932	Non-alcoholic fatty liver disease	39	2.90E-08
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03050	Proteasome	18	2.22E-06
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03013	RNA transport	38	2.26E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03018	RNA degradation	22	6.93E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00970	Aminoacyl-tRNA biosynthesis	14	1.48E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:01100	Metabolic pathways	173	1.71E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05017	Spinocerebellar ataxia	28	3.55E-03

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03008	Ribosome biogenesis in eukaryotes	22	3.77E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00280	Valine, leucine and isoleucine degradation	14	4.47E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00640	Propanoate metabolism	11	1.07E-02
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0002274	myeloid leukocyte activation	72	6.88E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0002366	leukocyte activation involved in immune response	74	2.29E-24
	GO Biyolojik Proses	GO:0002263	cell activation involved in immune response	74	3.25E-24
	GO Biyolojik Proses	GO:0002275	myeloid cell activation involved in immune response	62	4.94E-22
	GO Biyolojik Proses	GO:0043299	leukocyte degranulation	60	4.66E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:0002444	myeloid leukocyte mediated immunity	61	5.36E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:0045321	leukocyte activation	96	1.14E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0001775	cell activation	102	2.29E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0002446	neutrophil mediated immunity	56	1.52E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0042119	neutrophil activation	56	1.86E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0002283	neutrophil activation involved in immune response	55	2.84E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0036230	granulocyte activation	56	3.66E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0016192	vesicle-mediated transport	124	7.37E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0043312	neutrophil degranulation	54	1.05E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0002376	immune system process	162	4.56E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0002252	immune effector process	83	6.83E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0006955	immune response	133	1.52E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0045055	regulated exocytosis	67	3.65E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0006887	exocytosis	71	1.91E-16
	GO Biyolojik Proses	GO:0032940	secretion by cell	87	2.43E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0002443	leukocyte mediated immunity	68	4.43E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0046903	secretion	91	1.11E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0140352	export from cell	88	1.22E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:1902531	regulation of intracellular signal transduction	103	8.63E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0051179	localization	239	7.84E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0048583	regulation of response to stimulus	174	1.06E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0035556	intracellular signal transduction	127	1.80E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0048518	positive regulation of biological process	223	2.81E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:1902533	positive regulation of intracellular signal transduction	66	4.29E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0006468	protein phosphorylation	87	8.54E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	142	3.04E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0048584	positive regulation of response to stimulus	108	3.04E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0050794	regulation of cellular process	332	3.84E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0016310	phosphorylation	96	3.95E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0051649	establishment of localization in cell	120	4.44E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0050896	response to stimulus	289	5.04E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0051234	establishment of localization	191	5.30E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0006810	transport	187	5.79E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0050790	regulation of catalytic activity	109	1.19E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0043085	positive regulation of catalytic activity	74	1.91E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0044093	positive regulation of molecular function	87	2.11E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0023052	signaling	227	4.85E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0006950	response to stress	160	6.63E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0007154	cell communication	227	7.14E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0009966	regulation of signal transduction	130	8.88E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0050789	regulation of biological process	340	9.47E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0007165	signal transduction	214	9.82E-08

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0051716	cellular response to stimulus	248	1.09E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0051240	positive regulation of multicellular organismal process	76	1.19E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0048522	positive regulation of cellular process	199	1.35E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0006464	cellular protein modification process	153	1.60E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0036211	protein modification process	153	1.60E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0032270	positive regulation of cellular protein metabolic process	75	2.29E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0040012	regulation of locomotion	62	2.51E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0065007	biological regulation	352	2.52E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0030335	positive regulation of cell migration	41	3.00E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0023051	regulation of signaling	140	3.18E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0010646	regulation of cell communication	139	3.25E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0051270	regulation of cellular component movement	63	3.33E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0010647	positive regulation of cell communication	85	3.52E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0023056	positive regulation of signaling	85	4.04E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0016477	cell migration	80	4.20E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0042325	regulation of phosphorylation	72	4.38E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0001932	regulation of protein phosphorylation	66	4.88E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0006796	phosphate-containing compound metabolic process	120	5.51E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0051272	positive regulation of cellular component movement	42	5.88E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0044419	biological process involved in interspecies interaction between organisms	83	6.41E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0040017	positive regulation of locomotion	42	6.50E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0010941	regulation of cell death	82	7.02E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0043412	macromolecule modification	157	8.20E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0009605	response to external stimulus	123	8.81E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0009967	positive regulation of signal transduction	78	9.33E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0006793	phosphorus metabolic process	120	9.78E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0007166	cell surface receptor signaling pathway	126	1.00E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0065009	regulation of molecular function	125	1.01E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:2000147	positive regulation of cell motility	41	1.05E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0034097	response to cytokine	65	1.13E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:2000145	regulation of cell motility	59	1.13E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0001819	positive regulation of cytokine production	37	1.15E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0043067	regulation of programmed cell death	77	1.17E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051247	positive regulation of protein metabolic process	76	1.34E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0032879	regulation of localization	116	1.89E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0031399	regulation of protein modification process	79	2.05E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0030334	regulation of cell migration	56	2.53E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0032268	regulation of cellular protein metabolic process	106	3.52E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0009893	positive regulation of metabolic process	142	3.79E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0008219	cell death	97	5.36E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0045859	regulation of protein kinase activity	48	5.57E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006909	phagocytosis	31	5.66E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051674	localization of cell	82	9.96E-06

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0043549	regulation of kinase activity	52	5.99E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0071345	cellular response to cytokine stimulus	60	6.17E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0032101	regulation of response to external stimulus	63	6.59E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0043408	regulation of MAPK cascade	45	6.78E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0019220	regulation of phosphate metabolic process	76	7.77E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051174	regulation of phosphorus metabolic process	76	7.77E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0048870	cell motility	82	9.96E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0044087	regulation of cellular component biogenesis	54	1.03E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0040011	locomotion	88	1.10E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0042981	regulation of apoptotic process	73	1.13E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0033554	cellular response to stress	91	1.22E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051246	regulation of protein metabolic process	109	1.38E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051707	response to other organism	74	1.43E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0043207	response to external biotic stimulus	74	1.47E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0070887	cellular response to chemical stimulus	128	1.65E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0009607	response to biotic stimulus	75	1.75E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0012501	programmed cell death	91	1.76E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0031323	regulation of cellular metabolic process	202	2.08E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0010033	response to organic substance	128	2.13E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0010604	positive regulation of macromolecule metabolic process	131	2.20E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0042327	positive regulation of phosphorylation	51	2.21E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0071310	cellular response to organic substance	110	2.37E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0001817	regulation of cytokine production	48	2.43E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051336	regulation of hydrolase activity	62	2.53E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0001816	cytokine production	48	3.14E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006928	movement of cell or subcellular component	95	3.18E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0031401	positive regulation of protein modification process	56	3.40E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006952	defense response	84	3.44E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0045937	positive regulation of phosphate metabolic process	53	4.13E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0010562	positive regulation of phosphorus metabolic process	53	4.13E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006915	apoptotic process	85	4.25E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0009653	anatomical structure morphogenesis	109	4.28E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0031098	stress-activated protein kinase signaling cascade	25	4.75E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0098542	defense response to other organism	60	6.18E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0048519	negative regulation of biological process	189	6.24E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0001934	positive regulation of protein phosphorylation	47	6.46E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0032502	developmental process	209	6.57E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0048523	negative regulation of cellular process	171	6.77E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0031325	positive regulation of cellular metabolic process	123	6.98E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0030036	actin cytoskeleton organization	42	7.20E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0019538	protein metabolic process	190	7.27E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0044267	cellular protein metabolic process	174	7.75E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0000165	MAPK cascade	51	7.90E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0045087	innate immune response	52	1.06E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051338	regulation of transferase activity	53	1.20E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043410	positive regulation of MAPK cascade	35	1.25E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0030029	actin filament-based process	45	1.32E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0007015	actin filament organization	31	1.39E-04

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0000902	cell morphogenesis	53	1.59E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051345	positive regulation of hydrolase activity	42	1.62E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0019221	cytokine-mediated signaling pathway	45	2.16E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044260	cellular macromolecule metabolic process	248	2.49E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0048856	anatomical structure development	194	2.50E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0080134	regulation of response to stress	71	3.09E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0019222	regulation of metabolic process	218	3.31E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0002682	regulation of immune system process	74	3.95E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032103	positive regulation of response to external stimulus	33	4.20E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006954	inflammatory response	49	4.65E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051056	regulation of small GTPase mediated signal transduction	25	5.54E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051239	regulation of multicellular organismal process	107	5.99E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0080090	regulation of primary metabolic process	190	6.22E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051347	positive regulation of transferase activity	39	7.03E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0031347	regulation of defense response	46	7.33E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0033674	positive regulation of kinase activity	36	7.40E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051171	regulation of nitrogen compound metabolic process	185	7.78E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043069	negative regulation of programmed cell death	48	8.46E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0045860	positive regulation of protein kinase activity	33	9.56E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051094	positive regulation of developmental process	61	9.74E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0045088	regulation of innate immune response	24	9.81E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043066	negative regulation of apoptotic process	47	9.99E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0031349	positive regulation of defense response	26	1.05E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031175	neuron projection development	50	1.13E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007169	transmembrane receptor protein tyrosine kinase signaling pathway	41	1.13E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0060255	regulation of macromolecule metabolic process	202	1.33E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051128	regulation of cellular component organization	93	1.38E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046777	protein autophosphorylation	20	1.48E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007254	JNK cascade	18	1.92E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0010942	positive regulation of cell death	38	1.98E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0050867	positive regulation of cell activation	28	2.02E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071496	cellular response to external stimulus	25	2.06E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051173	positive regulation of nitrogen compound metabolic process	112	2.08E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048869	cellular developmental process	147	2.34E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0060548	negative regulation of cell death	50	2.36E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002684	positive regulation of immune system process	51	2.47E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042221	response to chemical	156	2.72E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043254	regulation of protein-containing complex assembly	29	2.74E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0045862	positive regulation of proteolysis	26	2.76E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043405	regulation of MAP kinase activity	23	3.59E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042116	macrophage activation	13	3.69E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051130	positive regulation of cellular component organization	54	3.89E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048666	neuron development	53	4.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0050776	regulation of immune response	53	4.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043087	regulation of GTPase activity	30	4.04E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0030154	cell differentiation	144	4.04E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043068	positive regulation of programmed cell death	35	4.08E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007264	small GTPase mediated signal transduction	31	4.14E-03

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0045785	positive regulation of cell adhesion	28	4.17E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042326	negative regulation of phosphorylation	27	4.45E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051403	stress-activated MAPK cascade	21	4.57E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071900	regulation of protein serine/threonine kinase activity	30	5.38E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002902	regulation of B cell apoptotic process	6	5.69E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046649	lymphocyte activation	40	5.76E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071260	cellular response to mechanical stimulus	11	5.82E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002831	regulation of response to biotic stimulus	27	6.37E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0022008	neurogenesis	69	6.57E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0030162	regulation of proteolysis	39	6.74E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051090	regulation of DNA-binding transcription factor activity	28	7.96E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0070302	regulation of stress-activated protein kinase signaling cascade	17	7.97E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901564	organonitrogen compound metabolic process	205	8.50E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007568	aging	23	8.72E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048468	cell development	81	8.75E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032147	activation of protein kinase activity	23	9.17E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002520	immune system development	48	9.43E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002237	response to molecule of bacterial origin	24	1.08E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030182	neuron differentiation	60	1.15E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002696	positive regulation of leukocyte activation	26	1.16E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048534	hematopoietic or lymphoid organ development	46	1.18E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042110	T cell activation	29	1.27E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046578	regulation of Ras protein signal transduction	17	1.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071902	positive regulation of protein serine/threonine kinase activity	22	1.32E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051091	positive regulation of DNA-binding transcription factor activity	20	1.51E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000904	cell morphogenesis involved in differentiation	38	1.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043065	positive regulation of apoptotic process	33	1.59E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050793	regulation of developmental process	94	1.69E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043123	positive regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	16	1.72E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070304	positive regulation of stress-activated protein kinase signaling cascade	13	1.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1901700	response to oxygen-containing compound	69	1.78E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007275	multicellular organism development	173	2.07E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007159	leukocyte cell-cell adhesion	24	2.16E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0060284	regulation of cell development	29	2.17E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007265	Ras protein signal transduction	23	2.18E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016043	cellular component organization	197	2.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002521	leukocyte differentiation	31	2.33E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050900	leukocyte migration	29	2.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008063	Toll signaling pathway	4	2.45E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002532	production of molecular mediator involved in inflammatory response	11	2.59E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0062197	cellular response to chemical stress	23	2.62E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045936	negative regulation of phosphate metabolic process	30	2.75E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048731	system development	158	2.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010563	negative regulation of phosphorus metabolic process	30	2.85E-02

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0032755	positive regulation of interleukin-6 production	11	2.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048858	cell projection morphogenesis	35	3.03E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090066	regulation of anatomical structure size	29	3.13E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0022409	positive regulation of cell-cell adhesion	20	3.17E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048699	generation of neurons	63	3.23E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043547	positive regulation of GTPase activity	25	3.47E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071216	cellular response to biotic stimulus	18	3.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0001783	B cell apoptotic process	6	3.67E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1900017	positive regulation of cytokine production involved in inflammatory response	6	3.67E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0061564	axon development	29	3.75E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903039	positive regulation of leukocyte cell-cell adhesion	18	3.99E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044237	cellular metabolic process	294	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050870	positive regulation of T cell activation	17	4.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043170	macromolecule metabolic process	270	4.53E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030097	hemopoiesis	43	4.88E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04380	Osteoclast differentiation	18	1.44E-06
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04066	HIF-1 signaling pathway	16	7.18E-06
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05164	Influenza A	19	3.27E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04666	Fc gamma R-mediated phagocytosis	14	5.29E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05417	Lipid and atherosclerosis	20	3.07E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05140	Leishmaniasis	11	5.74E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05200	Pathways in cancer	34	6.65E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05152	Tuberculosis	17	1.05E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05161	Hepatitis B	16	1.56E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05211	Renal cell carcinoma	10	2.19E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05134	Legionellosis	9	3.19E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04064	NF-kappa B signaling pathway	12	3.35E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05135	Yersinia infection	14	3.40E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05167	Kaposi sarcoma-associated herpesvirus infection	17	3.78E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05235	PD-L1 expression and PD-1 checkpoint pathway in cancer	11	4.52E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05214	Glioma	10	5.24E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:01521	EGFR tyrosine kinase inhibitor resistance	10	8.24E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04010	MAPK signaling pathway	21	1.04E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04012	ErbB signaling pathway	10	1.39E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04140	Autophagy - animal	13	1.51E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05160	Hepatitis C	14	1.64E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04144	Endocytosis	18	3.32E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04068	FoxO signaling pathway	12	3.78E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05215	Prostate cancer	10	4.59E-02
Kalverengi	GO Biyolojik Proses	GO:0008380	RNA splicing	21	5.30E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0000398	mRNA splicing, via spliceosome	16	2.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000377	RNA splicing, via transesterification reactions with bulged adenosine as nucleophile	16	2.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000375	RNA splicing, via transesterification reactions	16	2.47E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034641	cellular nitrogen compound metabolic process	111	3.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006139	nucleobase-containing compound metabolic process	100	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090304	nucleic acid metabolic process	93	4.07E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042148	strand invasion	3	4.18E-02

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Sarı	GO Biyolojik Proses	GO:0006887	exocytosis	36	1.46E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0045055	regulated exocytosis	33	2.38E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0016192	vesicle-mediated transport	58	3.43E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0048522	positive regulation of cellular process	113	5.44E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	79	5.75E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0031325	positive regulation of cellular metabolic process	76	7.09E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0043299	leukocyte degranulation	24	1.62E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051649	establishment of localization in cell	66	1.71E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0001775	cell activation	44	1.88E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009893	positive regulation of metabolic process	82	3.87E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0031323	regulation of cellular metabolic process	116	5.00E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0010604	positive regulation of macromolecule metabolic process	77	5.26E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0048518	positive regulation of biological process	118	5.74E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043085	positive regulation of catalytic activity	40	1.04E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0060255	regulation of macromolecule metabolic process	119	1.12E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0019222	regulation of metabolic process	125	2.53E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0080090	regulation of primary metabolic process	110	3.41E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0045321	leukocyte activation	38	3.48E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051173	positive regulation of nitrogen compound metabolic process	68	3.51E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002275	myeloid cell activation involved in immune response	22	3.86E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002444	myeloid leukocyte mediated immunity	22	4.61E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051171	regulation of nitrogen compound metabolic process	107	4.74E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006464	cellular protein modification process	82	4.91E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0036211	protein modification process	82	4.91E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006996	organelle organization	82	6.51E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046903	secretion	40	7.00E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051246	regulation of protein metabolic process	61	7.56E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002366	leukocyte activation involved in immune response	25	9.44E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002263	cell activation involved in immune response	25	1.04E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0140352	export from cell	38	1.20E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032418	lysosome localization	8	1.43E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016050	vesicle organization	16	1.48E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044093	positive regulation of molecular function	44	1.56E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032270	positive regulation of cellular protein metabolic process	39	1.62E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016191	synaptic vesicle uncoating	3	1.72E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007264	small GTPase mediated signal transduction	20	1.98E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031399	regulation of protein modification process	42	2.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010256	endomembrane system organization	21	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043312	neutrophil degranulation	19	2.44E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043412	macromolecule modification	83	2.48E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051247	positive regulation of protein metabolic process	40	2.64E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002274	myeloid leukocyte activation	23	2.70E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032940	secretion by cell	36	2.70E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002283	neutrophil activation involved in immune response	19	2.82E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043543	protein acylation	13	3.37E-02

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Sarı	GO Biyolojik Proses	GO:0018193	peptidyl-amino acid modification	35	3.38E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050790	regulation of catalytic activity	54	3.76E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0060627	regulation of vesicle-mediated transport	20	3.81E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002446	neutrophil mediated immunity	19	3.96E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034613	cellular protein localization	44	4.02E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002376	immune system process	69	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042119	neutrophil activation	19	4.18E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0072318	clathrin coat disassembly	3	4.27E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032268	regulation of cellular protein metabolic process	56	4.32E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070727	cellular macromolecule localization	44	4.84E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05205	Proteoglycans in cancer	12	2.24E-03
Yeşil	GO Biyolojik Proses	GO:0009056	catabolic process	41	1.93E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032802	low-density lipoprotein particle receptor catabolic process	4	3.91E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032799	low-density lipoprotein receptor particle metabolic process	4	3.91E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044248	cellular catabolic process	36	6.56E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016032	viral process	21	1.14E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0061515	myeloid cell development	6	1.55E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030163	protein catabolic process	20	2.64E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044257	cellular protein catabolic process	18	2.82E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04721	Synaptic vesicle cycle	5	2.72E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04142	Lysosome	6	3.73E-02
Kırmızı	GO Biyolojik Proses	GO:0050776	regulation of immune response	25	7.73E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0002682	regulation of immune system process	30	1.12E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0002717	positive regulation of natural killer cell mediated immunity	7	1.45E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0006955	immune response	35	8.29E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0002228	natural killer cell mediated immunity	8	1.93E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0031343	positive regulation of cell killing	8	2.18E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0045954	positive regulation of natural killer cell mediated cytotoxicity	6	3.02E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0002715	regulation of natural killer cell mediated immunity	7	3.07E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0002708	positive regulation of lymphocyte mediated immunity	9	3.37E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0001906	cell killing	11	3.49E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0001909	leukocyte mediated cytotoxicity	9	5.49E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0001912	positive regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	7	8.81E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0002376	immune system process	39	1.41E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0002705	positive regulation of leukocyte mediated immunity	9	1.55E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0002831	regulation of response to biotic stimulus	14	1.83E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0002449	lymphocyte mediated immunity	13	2.17E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0002684	positive regulation of immune system process	21	2.60E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0042267	natural killer cell mediated cytotoxicity	7	4.37E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0048584	positive regulation of response to stimulus	31	4.65E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0042269	regulation of natural killer cell mediated cytotoxicity	6	7.23E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0031341	regulation of cell killing	8	8.53E-05

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Kırmızı	GO Biyolojik Proses	GO:0002706	regulation of lymphocyte mediated immunity	9	9.35E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0050778	positive regulation of immune response	17	1.10E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0001910	regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	7	1.20E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0031347	regulation of defense response	18	1.99E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0002699	positive regulation of immune effector process	10	2.12E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0098542	defense response to other organism	21	2.22E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0045087	innate immune response	19	2.31E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032101	regulation of response to external stimulus	21	2.77E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0045088	regulation of innate immune response	11	4.79E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006952	defense response	26	7.66E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0002703	regulation of leukocyte mediated immunity	9	1.28E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046631	alpha-beta T cell activation	8	1.44E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0045089	positive regulation of innate immune response	9	1.56E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044419	biological process involved in interspecies interaction between organisms	24	1.75E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031349	positive regulation of defense response	11	1.95E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009605	response to external stimulus	33	2.19E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048518	positive regulation of biological process	51	3.74E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051707	response to other organism	22	4.71E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043207	response to external biotic stimulus	22	4.76E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048583	regulation of response to stimulus	40	4.85E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002833	positive regulation of response to biotic stimulus	9	5.56E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042110	T cell activation	12	5.98E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002252	immune effector process	18	6.99E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009607	response to biotic stimulus	22	7.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006950	response to stress	39	8.03E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032103	positive regulation of response to external stimulus	12	9.54E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002683	negative regulation of immune system process	13	9.74E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002250	adaptive immune response	14	9.84E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002456	T cell mediated immunity	6	1.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046634	regulation of alpha-beta T cell activation	6	1.94E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0035710	CD4-positive, alpha-beta T cell activation	6	1.94E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050896	response to stimulus	63	1.99E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007159	leukocyte cell-cell adhesion	10	2.02E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002443	leukocyte mediated immunity	15	2.55E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046649	lymphocyte activation	14	2.65E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019835	cytolysis	4	3.18E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046635	positive regulation of alpha-beta T cell activation	5	3.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:2000514	regulation of CD4-positive, alpha-beta T cell activation	5	3.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050854	regulation of antigen receptor-mediated signaling pathway	5	3.53E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04650	Natural killer cell mediated cytotoxicity	9	1.48E-06
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04658	Th1 and Th2 cell differentiation	7	3.99E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05332	Graft-versus-host disease	5	1.27E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05142	Chagas disease	5	1.77E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05321	Inflammatory bowel disease	4	2.87E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04612	Antigen processing and presentation	4	4.32E-02

Ek-2B: GSE73754 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Siyah	GO Biyolojik Proses	GO:0002576	platelet degranulation	11	8.49E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0070527	platelet aggregation	7	2.21E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0009611	response to wounding	14	3.55E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0042060	wound healing	13	3.79E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0007596	blood coagulation	11	5.70E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0007599	hemostasis	11	6.43E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0050817	coagulation	11	7.03E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0034109	homotypic cell-cell adhesion	7	2.00E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006887	exocytosis	14	1.45E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0045055	regulated exocytosis	13	2.72E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0050878	regulation of body fluid levels	11	3.39E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0065008	regulation of biological quality	26	1.06E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0030168	platelet activation	7	1.60E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032940	secretion by cell	15	3.02E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0140352	export from cell	15	5.41E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0016192	vesicle-mediated transport	18	1.06E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046903	secretion	15	1.09E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051649	establishment of localization in cell	20	1.49E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007160	cell-matrix adhesion	7	1.97E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031589	cell-substrate adhesion	8	3.20E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007229	integrin-mediated signaling pathway	5	1.08E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006810	transport	26	1.47E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	21	1.51E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051234	establishment of localization	26	2.59E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0061041	regulation of wound healing	5	2.99E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030193	regulation of blood coagulation	4	3.79E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1900046	regulation of hemostasis	4	4.23E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0033627	cell adhesion mediated by integrin	4	4.47E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0033622	integrin activation	3	4.76E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04611	Platelet activation	7	7.55E-06
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04510	Focal adhesion	8	1.19E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04810	Regulation of actin cytoskeleton	6	4.03E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04512	ECM-receptor interaction	4	1.20E-02
Pembe	GO Biyolojik Proses	GO:0000281	mitotic cytokinesis	4	3.05E-02

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	1025	8.77E-42
	GO Biyolojik Proses	GO:0051649	establishment of localization in cell	840	1.53E-37
	GO Biyolojik Proses	GO:0043299	leukocyte degranulation	238	1.67E-33
	GO Biyolojik Proses	GO:0002275	myeloid cell activation involved in immune response	241	2.03E-33
	GO Biyolojik Proses	GO:0002283	neutrophil activation involved in immune response	221	5.08E-33
	GO Biyolojik Proses	GO:0002444	myeloid leukocyte mediated immunity	242	5.18E-33
	GO Biyolojik Proses	GO:0043312	neutrophil degranulation	219	1.31E-32
	GO Biyolojik Proses	GO:0002446	neutrophil mediated immunity	223	1.85E-32
	GO Biyolojik Proses	GO:0036230	granulocyte activation	225	2.84E-32
	GO Biyolojik Proses	GO:0016192	vesicle-mediated transport	667	2.84E-32
	GO Biyolojik Proses	GO:0042119	neutrophil activation	223	2.84E-32
	GO Biyolojik Proses	GO:0002274	myeloid leukocyte activation	271	5.41E-31
	GO Biyolojik Proses	GO:0002263	cell activation involved in immune response	281	6.02E-29
	GO Biyolojik Proses	GO:0002366	leukocyte activation involved in immune response	278	3.35E-28
	GO Biyolojik Proses	GO:0033036	macromolecule localization	902	2.05E-26
	GO Biyolojik Proses	GO:0008104	protein localization	810	3.93E-26
	GO Biyolojik Proses	GO:0006887	exocytosis	324	6.55E-26
	GO Biyolojik Proses	GO:0044237	cellular metabolic process	2518	2.03E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0045055	regulated exocytosis	288	3.92E-25
	GO Biyolojik Proses	GO:0051234	establishment of localization	1371	3.77E-23
	GO Biyolojik Proses	GO:0051179	localization	1689	4.22E-23
	GO Biyolojik Proses	GO:0046907	intracellular transport	535	4.22E-23
	GO Biyolojik Proses	GO:0006810	transport	1341	8.33E-23
	GO Biyolojik Proses	GO:0009056	catabolic process	756	2.71E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:0045184	establishment of protein localization	618	3.95E-21
	GO Biyolojik Proses	GO:0015031	protein transport	592	1.74E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0070727	cellular macromolecule localization	580	3.25E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0034613	cellular protein localization	577	3.82E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0006996	organelle organization	1049	5.93E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0042886	amide transport	608	6.82E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0015833	peptide transport	599	7.33E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0002252	immune effector process	410	7.86E-20
	GO Biyolojik Proses	GO:0044248	cellular catabolic process	658	1.35E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0006914	autophagy	204	4.26E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0061919	process utilizing autophagic mechanism	204	4.26E-19
	GO Biyolojik Proses	GO:0071705	nitrogen compound transport	674	5.64E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0008152	metabolic process	2671	5.70E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0044238	primary metabolic process	2418	1.14E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0071702	organic substance transport	769	3.35E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0002443	leukocyte mediated immunity	293	4.35E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0045321	leukocyte activation	397	6.40E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0032940	secretion by cell	433	7.03E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0140352	export from cell	444	1.73E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0006886	intracellular protein transport	358	1.73E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0071704	organic substance metabolic process	2532	2.94E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0016236	macroautophagy	125	7.26E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0051640	organelle localization	221	1.36E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0001775	cell activation	430	1.47E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:1901564	organonitrogen compound metabolic process	1631	2.32E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0046903	secretion	459	3.02E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0006807	nitrogen compound metabolic process	2284	4.06E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:1901575	organic substance catabolic process	604	1.07E-12

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0007033	vacuole organization	82	1.39E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0036211	protein modification process	1049	4.26E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0006464	cellular protein modification process	1049	4.26E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0071840	cellular component organization or biogenesis	1563	4.53E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0043412	macromolecule modification	1094	6.97E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0033043	regulation of organelle organization	379	8.76E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0016043	cellular component organization	1521	9.61E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0009894	regulation of catabolic process	310	1.64E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0044255	cellular lipid metabolic process	323	5.79E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0044281	small molecule metabolic process	540	7.84E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0016197	endosomal transport	98	1.00E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0051128	regulation of cellular component organization	633	2.51E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0019538	protein metabolic process	1403	2.65E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0009987	cellular process	3563	5.72E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0044267	cellular protein metabolic process	1277	9.94E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0010506	regulation of autophagy	126	1.08E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0044242	cellular lipid catabolic process	93	1.26E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0007034	vacuolar transport	67	1.67E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0006629	lipid metabolic process	397	2.80E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0019637	organophosphate metabolic process	304	6.80E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0016241	regulation of macroautophagy	74	7.21E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0031329	regulation of cellular catabolic process	259	7.30E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0044260	cellular macromolecule metabolic process	1902	8.84E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0006650	glycerophospholipid metabolic process	121	9.22E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:1901135	carbohydrate derivative metabolic process	319	1.61E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:1901565	organonitrogen compound catabolic process	367	4.64E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0007041	lysosomal transport	51	4.88E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0033554	cellular response to stress	544	4.88E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0051656	establishment of organelle localization	144	6.78E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0006793	phosphorus metabolic process	832	9.00E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0006796	phosphate-containing compound metabolic process	825	1.30E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0016570	histone modification	150	1.77E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0043170	macromolecule metabolic process	2173	2.02E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0044085	cellular component biogenesis	784	2.30E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0016569	covalent chromatin modification	152	3.95E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0006644	phospholipid metabolic process	146	4.20E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0022607	cellular component assembly	729	4.20E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0044087	regulation of cellular component biogenesis	276	4.79E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0002376	immune system process	793	5.66E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:1905037	autophagosome organization	46	5.86E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0043087	regulation of GTPase activity	152	5.93E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0005975	carbohydrate metabolic process	191	6.11E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0046486	glycerolipid metabolic process	139	7.79E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:0048193	Golgi vesicle transport	124	9.05E-07
	GO Biyolojik Proses	GO:1903827	regulation of cellular protein localization	169	1.28E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051345	positive regulation of hydrolase activity	222	1.59E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0010638	positive regulation of organelle organization	189	1.91E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0000045	autophagosome assembly	44	1.94E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0051130	positive regulation of cellular component organization	328	1.96E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0008654	phospholipid biosynthetic process	95	1.96E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0009896	positive regulation of catabolic process	144	1.98E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0016042	lipid catabolic process	115	2.19E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0045017	glycerolipid biosynthetic process	94	2.20E-06

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0006643	membrane lipid metabolic process	78	2.33E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0009057	macromolecule catabolic process	380	2.48E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0007010	cytoskeleton organization	369	2.48E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0043547	positive regulation of GTPase activity	130	2.96E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0044093	positive regulation of molecular function	465	3.20E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0016482	cytosolic transport	64	4.10E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0030258	lipid modification	93	4.39E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0007265	Ras protein signal transduction	113	4.59E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0060341	regulation of cellular localization	274	4.62E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0006635	fatty acid beta-oxidation	36	4.94E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0008610	lipid biosynthetic process	210	6.56E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0140056	organelle localization by membrane tethering	66	6.59E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0046466	membrane lipid catabolic process	23	7.16E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0007264	small GTPase mediated signal transduction	155	7.49E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0030163	protein catabolic process	263	8.55E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0010256	endomembrane system organization	142	8.57E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0016050	vesicle organization	110	9.30E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0009062	fatty acid catabolic process	48	9.73E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0022406	membrane docking	68	1.00E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0072329	monocarboxylic acid catabolic process	55	1.11E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0043436	oxoacid metabolic process	313	1.19E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0046474	glycerophospholipid biosynthetic process	81	1.19E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0030036	actin cytoskeleton organization	202	1.21E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0043085	positive regulation of catalytic activity	379	1.46E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0033365	protein localization to organelle	263	1.70E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0070925	organelle assembly	240	1.85E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0071427	mRNA-containing ribonucleoprotein complex export from nucleus	47	1.88E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0016052	carbohydrate catabolic process	73	1.88E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006406	mRNA export from nucleus	47	1.88E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051650	establishment of vesicle localization	75	2.14E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:1902531	regulation of intracellular signal transduction	469	2.47E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0046479	glycosphingolipid catabolic process	12	2.48E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0019377	glycolipid catabolic process	13	2.50E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0010507	negative regulation of autophagy	38	2.83E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006082	organic acid metabolic process	315	2.83E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0035556	intracellular signal transduction	682	2.96E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0031331	positive regulation of cellular catabolic process	122	3.38E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0061024	membrane organization	255	3.67E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0030149	sphingolipid catabolic process	20	4.07E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051648	vesicle localization	78	4.48E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006955	immune response	558	4.96E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:1903509	liposaccharide metabolic process	45	5.37E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0016032	viral process	249	5.47E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006913	nucleocytoplasmic transport	112	5.47E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006611	protein export from nucleus	66	5.60E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051056	regulation of small GTPase mediated signal transduction	103	5.64E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051156	glucose 6-phosphate metabolic process	17	5.99E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051169	nuclear transport	112	8.38E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051247	positive regulation of protein metabolic process	433	8.38E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0044282	small molecule catabolic process	136	9.20E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0034440	lipid oxidation	45	9.20E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006664	glycolipid metabolic process	44	1.03E-04

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0019752	carboxylic acid metabolic process	285	1.15E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0031323	regulation of cellular metabolic process	1427	1.15E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0007249	I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	93	1.18E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032880	regulation of protein localization	266	1.19E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006665	sphingolipid metabolic process	59	1.40E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043254	regulation of protein-containing complex assembly	134	1.48E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0019395	fatty acid oxidation	43	1.48E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0090407	organophosphate biosynthetic process	168	1.81E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0046578	regulation of Ras protein signal transduction	67	1.94E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006900	vesicle budding from membrane	43	1.94E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044403	symbiotic process	259	1.94E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043122	regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	83	2.07E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0046777	protein autophosphorylation	79	2.18E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0060627	regulation of vesicle-mediated transport	155	2.21E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0033572	transferrin transport	20	2.29E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:1901576	organic substance biosynthetic process	1390	2.34E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051168	nuclear export	69	2.51E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032418	lysosome localization	34	2.63E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051336	regulation of hydrolase activity	331	2.78E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0016575	histone deacetylation	33	2.83E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0031503	protein-containing complex localization	88	3.05E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0072659	protein localization to plasma membrane	89	3.08E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0071426	ribonucleoprotein complex export from nucleus	49	3.14E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006903	vesicle targeting	38	3.21E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006672	ceramide metabolic process	40	3.39E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0019058	viral life cycle	105	3.39E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0046514	ceramide catabolic process	14	3.41E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009058	biosynthetic process	1405	3.67E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032787	monocarboxylic acid metabolic process	186	3.76E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032386	regulation of intracellular transport	109	3.80E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0071166	ribonucleoprotein complex localization	49	3.84E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0018205	peptidyl-lysine modification	122	3.96E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051028	mRNA transport	55	4.13E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051246	regulation of protein metabolic process	683	4.37E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0007040	lysosome organization	30	4.71E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0048583	regulation of response to stimulus	999	4.71E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0080171	lytic vacuole organization	30	4.71E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006892	post-Golgi vesicle-mediated transport	41	4.95E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0016242	negative regulation of macroautophagy	19	5.56E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0050790	regulation of catalytic activity	570	5.85E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051258	protein polymerization	93	6.24E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044249	cellular biosynthetic process	1362	6.47E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0051493	regulation of cytoskeleton organization	157	6.67E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0010821	regulation of mitochondrion organization	64	6.67E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0018193	peptidyl-amino acid modification	329	6.80E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0030029	actin filament-based process	215	7.06E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006950	response to stress	952	7.51E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006397	mRNA processing	149	7.71E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0046477	glycosylceramide catabolic process	7	7.86E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0022411	cellular component disassembly	157	7.97E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0070647	protein modification by small protein conjugation or removal	297	8.15E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0046395	carboxylic acid catabolic process	88	8.84E-04

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0016054	organic acid catabolic process	88	8.84E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0048194	Golgi vesicle budding	33	8.84E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0002703	regulation of leukocyte mediated immunity	68	8.84E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006623	protein targeting to vacuole	20	9.22E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0043300	regulation of leukocyte degranulation	23	9.23E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044088	regulation of vacuole organization	23	9.23E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0032446	protein modification by small protein conjugation	249	9.27E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0072665	protein localization to vacuole	29	9.27E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0044265	cellular macromolecule catabolic process	307	9.36E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:1990778	protein localization to cell periphery	100	9.91E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0120036	plasma membrane bounded cell projection organization	384	1.02E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043123	positive regulation of I-kappaB kinase/NF-kappaB signaling	63	1.02E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0120035	regulation of plasma membrane bounded cell projection organization	189	1.09E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0015931	nucleobase-containing compound transport	83	1.10E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1903829	positive regulation of cellular protein localization	101	1.10E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044257	cellular protein catabolic process	212	1.15E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1902115	regulation of organelle assembly	63	1.20E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0098732	macromolecule deacylation	41	1.21E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0090630	activation of GTPase activity	41	1.21E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0097711	ciliary basal body-plasma membrane docking	37	1.21E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032456	endocytic recycling	24	1.25E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009895	negative regulation of catabolic process	97	1.25E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007005	mitochondrion organization	154	1.26E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006740	NADPH regeneration	12	1.30E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0045576	mast cell activation	28	1.33E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032535	regulation of cellular component size	113	1.38E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009966	regulation of signal transduction	745	1.40E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051173	positive regulation of nitrogen compound metabolic process	755	1.53E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007032	endosome organization	32	1.62E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0034641	cellular nitrogen compound metabolic process	1429	1.76E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031325	positive regulation of cellular metabolic process	794	1.80E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006098	pentose-phosphate shunt	11	1.80E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0033044	regulation of chromosome organization	105	1.88E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0035601	protein deacylation	39	1.92E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006405	RNA export from nucleus	50	1.93E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006739	NADP metabolic process	18	2.00E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0045022	early endosome to late endosome transport	19	2.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0097064	ncRNA export from nucleus	19	2.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:2000785	regulation of autophagosome assembly	19	2.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0098927	vesicle-mediated transport between endosomal compartments	20	2.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0061462	protein localization to lysosome	20	2.01E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031330	negative regulation of cellular catabolic process	81	2.03E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051276	chromosome organization	311	2.08E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006476	protein deacetylation	36	2.14E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1902275	regulation of chromatin organization	64	2.22E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031344	regulation of cell projection organization	189	2.26E-03

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0048522	positive regulation of cellular process	1283	2.26E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016239	positive regulation of macroautophagy	28	2.35E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0034497	protein localization to phagophore assembly site	10	2.35E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031056	regulation of histone modification	52	2.48E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0080090	regulation of primary metabolic process	1363	2.49E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0030030	cell projection organization	389	2.51E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006687	glycosphingolipid metabolic process	27	2.55E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046470	phosphatidylcholine metabolic process	34	2.68E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016310	phosphorylation	583	2.88E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0061726	mitochondrion disassembly	31	2.93E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032270	positive regulation of cellular protein metabolic process	398	2.93E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0000422	autophagy of mitochondrion	31	2.93E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1902116	negative regulation of organelle assembly	19	2.96E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0065009	regulation of molecular function	708	2.96E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006325	chromatin organization	212	2.96E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043470	regulation of carbohydrate catabolic process	35	2.97E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0120031	plasma membrane bounded cell projection assembly	156	2.98E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0008154	actin polymerization or depolymerization	70	3.15E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006066	alcohol metabolic process	110	3.17E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0019318	hexose metabolic process	78	3.27E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0030031	cell projection assembly	159	3.58E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0090114	COPII-coated vesicle budding	29	3.59E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007220	Notch receptor processing	8	3.59E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0072594	establishment of protein localization to organelle	154	3.67E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031058	positive regulation of histone modification	35	3.71E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016139	glycoside catabolic process	7	3.76E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043313	regulation of neutrophil degranulation	7	3.76E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006140	regulation of nucleotide metabolic process	43	3.76E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006901	vesicle coating	28	3.95E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016311	dephosphorylation	138	3.97E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002886	regulation of myeloid leukocyte mediated immunity	25	3.97E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0034976	response to endoplasmic reticulum stress	88	3.97E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006409	tRNA export from nucleus	17	4.36E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0071431	tRNA-containing ribonucleoprotein complex export from nucleus	17	4.36E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007015	actin filament organization	122	4.57E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048199	vesicle targeting, to, from or within Golgi	29	4.57E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051701	interaction with host	67	4.57E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007049	cell cycle	446	4.69E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002448	mast cell mediated immunity	23	4.69E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046031	ADP metabolic process	44	4.74E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901360	organic cyclic compound metabolic process	1355	4.80E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051129	negative regulation of cellular component organization	194	4.88E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0030041	actin filament polymerization	62	4.92E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044804	autophagy of nucleus	10	4.96E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0072666	establishment of protein localization to vacuole	22	5.00E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1900542	regulation of purine nucleotide metabolic process	42	5.06E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031669	cellular response to nutrient levels	66	5.08E-03

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0000278	mitotic cell cycle	263	5.29E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044275	cellular carbohydrate catabolic process	21	5.34E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031346	positive regulation of cell projection organization	112	5.35E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031123	RNA 3'-end processing	52	5.37E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0035307	positive regulation of protein dephosphorylation	20	5.63E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0050658	RNA transport	63	5.63E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0050657	nucleic acid transport	63	5.63E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046467	membrane lipid biosynthetic process	49	5.73E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006139	nucleobase-containing compound metabolic process	1257	5.78E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043632	modification-dependent macromolecule catabolic process	174	5.93E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046483	heterocycle metabolic process	1294	5.95E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1903008	organelle disassembly	39	6.06E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0050775	positive regulation of dendrite morphogenesis	18	6.13E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042147	retrograde transport, endosome to Golgi	34	6.20E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031929	TOR signaling	43	6.27E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042594	response to starvation	62	6.32E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009893	positive regulation of metabolic process	891	6.33E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0042176	regulation of protein catabolic process	112	6.33E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031065	positive regulation of histone deacetylation	11	6.55E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043303	mast cell degranulation	22	6.63E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0036109	alpha-linolenic acid metabolic process	9	6.63E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0033619	membrane protein proteolysis	25	6.66E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006096	glycolytic process	41	6.68E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006661	phosphatidylinositol biosynthetic process	41	6.68E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0031124	mRNA 3'-end processing	38	6.70E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0010508	positive regulation of autophagy	45	6.70E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1905269	positive regulation of chromatin organization	38	6.70E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006396	RNA processing	241	6.72E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046488	phosphatidylinositol metabolic process	58	6.76E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0008589	regulation of smoothened signaling pathway	33	6.79E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006631	fatty acid metabolic process	111	6.88E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0033157	regulation of intracellular protein transport	79	7.00E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0030010	establishment of cell polarity	47	7.13E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006403	RNA localization	72	7.20E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0098876	vesicle-mediated transport to the plasma membrane	34	7.39E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048207	vesicle targeting, rough ER to cis-Golgi	26	7.62E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048208	COPII vesicle coating	26	7.62E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006622	protein targeting to lysosome	12	7.62E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0097435	supramolecular fiber organization	187	7.64E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006757	ATP generation from ADP	41	7.82E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0098781	ncRNA transcription	38	7.99E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051236	establishment of RNA localization	63	8.00E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006109	regulation of carbohydrate metabolic process	65	8.05E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009185	ribonucleoside diphosphate metabolic process	47	8.31E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032956	regulation of actin cytoskeleton organization	103	8.55E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1903533	regulation of protein targeting	31	8.55E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051171	regulation of nitrogen compound metabolic process	1313	8.55E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0002279	mast cell activation involved in immune response	22	8.55E-03

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0009267	cellular response to starvation	50	8.96E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048518	positive regulation of biological process	1399	9.06E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0010770	positive regulation of cell morphogenesis involved in differentiation	51	9.13E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0043467	regulation of generation of precursor metabolites and energy	52	9.30E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009179	purine ribonucleoside diphosphate metabolic process	46	9.37E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009135	purine nucleoside diphosphate metabolic process	46	9.37E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006470	protein dephosphorylation	95	9.72E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006974	cellular response to DNA damage stimulus	221	9.79E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0019222	regulation of metabolic process	1570	9.92E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0044089	positive regulation of cellular component biogenesis	147	9.92E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051495	positive regulation of cytoskeleton organization	70	1.02E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007163	establishment or maintenance of cell polarity	63	1.02E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0022604	regulation of cell morphogenesis	135	1.04E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006909	phagocytosis	107	1.04E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030203	glycosaminoglycan metabolic process	51	1.05E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042157	lipoprotein metabolic process	45	1.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051092	positive regulation of NF-kappaB transcription factor activity	52	1.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1902339	positive regulation of apoptotic process involved in morphogenesis	5	1.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010604	positive regulation of macromolecule metabolic process	823	1.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006509	membrane protein ectodomain proteolysis	19	1.07E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1901137	carbohydrate derivative biosynthetic process	175	1.07E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:2001252	positive regulation of chromosome organization	57	1.12E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1905475	regulation of protein localization to membrane	61	1.14E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006888	endoplasmic reticulum to Golgi vesicle-mediated transport	63	1.14E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016567	protein ubiquitination	221	1.14E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006725	cellular aromatic compound metabolic process	1298	1.14E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000041	transition metal ion transport	43	1.15E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009100	glycoprotein metabolic process	114	1.15E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019941	modification-dependent protein catabolic process	169	1.15E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0080135	regulation of cellular response to stress	198	1.20E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051031	tRNA transport	17	1.20E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1902563	regulation of neutrophil activation	9	1.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070672	response to interleukin-15	9	1.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006511	ubiquitin-dependent protein catabolic process	167	1.30E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031063	regulation of histone deacetylation	15	1.30E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0036257	multivesicular body organization	15	1.30E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051607	defense response to virus	77	1.32E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050764	regulation of phagocytosis	35	1.36E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051603	proteolysis involved in cellular protein catabolic process	189	1.42E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045732	positive regulation of protein catabolic process	68	1.42E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034599	cellular response to oxidative stress	89	1.54E-02

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0006606	protein import into nucleus	49	1.54E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030641	regulation of cellular pH	34	1.56E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008360	regulation of cell shape	50	1.56E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007229	integrin-mediated signaling pathway	38	1.58E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903047	mitotic cell cycle process	225	1.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006896	Golgi to vacuole transport	10	1.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0062197	cellular response to chemical stress	101	1.81E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009313	oligosaccharide catabolic process	8	1.85E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007051	spindle organization	56	1.88E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0017038	protein import	61	1.88E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051222	positive regulation of protein transport	106	1.94E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032268	regulation of cellular protein metabolic process	627	1.96E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031668	cellular response to extracellular stimulus	71	1.96E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1990126	retrograde transport, endosome to plasma membrane	14	1.96E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046755	viral budding	13	1.98E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903649	regulation of cytoplasmic transport	13	1.98E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1901652	response to peptide	143	2.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016051	carbohydrate biosynthetic process	64	2.08E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1902905	positive regulation of supramolecular fiber organization	63	2.08E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0055114	oxidation-reduction process	252	2.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010646	regulation of cell communication	816	2.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010942	positive regulation of cell death	190	2.26E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070585	protein localization to mitochondrion	46	2.28E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009395	phospholipid catabolic process	20	2.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903578	regulation of ATP metabolic process	40	2.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0023051	regulation of signaling	824	2.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1904375	regulation of protein localization to cell periphery	40	2.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034504	protein localization to nucleus	80	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010867	positive regulation of triglyceride biosynthetic process	9	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1901136	carbohydrate derivative catabolic process	58	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006022	aminoglycan metabolic process	53	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008361	regulation of cell size	56	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0033540	fatty acid beta-oxidation using acyl-CoA oxidase	9	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008380	RNA splicing	121	2.38E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1902903	regulation of supramolecular fiber organization	103	2.39E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006110	regulation of glycolytic process	29	2.40E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044262	cellular carbohydrate metabolic process	84	2.40E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006826	iron ion transport	29	2.40E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006790	sulfur compound metabolic process	102	2.42E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010243	response to organonitrogen compound	263	2.43E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1904951	positive regulation of establishment of protein localization	109	2.44E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045730	respiratory burst	16	2.44E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032271	regulation of protein polymerization	68	2.44E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070085	glycosylation	76	2.44E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032879	regulation of localization	657	2.50E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0035303	regulation of dephosphorylation	63	2.54E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006006	glucose metabolic process	63	2.54E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0036503	ERAD pathway	34	2.57E-02

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:2000377	regulation of reactive oxygen species metabolic process	60	2.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048278	vesicle docking	25	2.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006482	protein demethylation	15	2.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0036498	IRE1-mediated unfolded protein response	25	2.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045879	negative regulation of smoothened signaling pathway	15	2.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008214	protein dealkylation	15	2.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006998	nuclear envelope organization	21	2.59E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0061912	selective autophagy	23	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010975	regulation of neuron projection development	137	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071496	cellular response to external stimulus	88	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:2000641	regulation of early endosome to late endosome transport	10	2.62E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903076	regulation of protein localization to plasma membrane	35	2.64E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000226	microtubule cytoskeleton organization	152	2.68E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0036258	multivesicular body assembly	14	2.68E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0072595	maintenance of protein localization in organelle	18	2.70E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009101	glycoprotein biosynthetic process	94	2.77E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007346	regulation of mitotic cell cycle	168	2.77E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046939	nucleotide phosphorylation	44	2.77E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032273	positive regulation of protein polymerization	44	2.77E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0035304	regulation of protein dephosphorylation	45	2.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090208	positive regulation of triglyceride metabolic process	12	2.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090335	regulation of brown fat cell differentiation	12	2.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007030	Golgi organization	46	2.81E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0005996	monosaccharide metabolic process	83	2.81E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903510	mucopolysaccharide metabolic process	38	2.85E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006475	internal protein amino acid acetylation	51	2.88E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0075733	intracellular transport of virus	22	2.88E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019068	virion assembly	17	2.92E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071985	multivesicular body sorting pathway	17	2.92E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032388	positive regulation of intracellular transport	65	2.99E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044782	cilium organization	107	3.11E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045123	cellular extravasation	25	3.11E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032868	response to insulin	82	3.13E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0044283	small molecule biosynthetic process	181	3.15E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0033601	positive regulation of mammary gland epithelial cell proliferation	6	3.19E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090235	regulation of metaphase plate congression	6	3.19E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032608	interferon-beta production	21	3.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0120032	regulation of plasma membrane bounded cell projection assembly	55	3.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010498	proteasomal protein catabolic process	127	3.24E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043434	response to peptide hormone	121	3.24E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0072310	glomerular epithelial cell development	8	3.26E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071350	cellular response to interleukin-15	8	3.26E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0035723	interleukin-15-mediated signaling pathway	8	3.26E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032042	mitochondrial DNA metabolic process	8	3.26E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048010	vascular endothelial growth factor receptor signaling pathway	33	3.32E-02

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0043161	proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process	113	3.36E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010976	positive regulation of neuron projection development	82	3.38E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032509	endosome transport via multivesicular body sorting pathway	15	3.40E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0060271	cilium assembly	102	3.41E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002221	pattern recognition receptor signaling pathway	60	3.44E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0034394	protein localization to cell surface	24	3.45E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090305	nucleic acid phosphodiester bond hydrolysis	85	3.47E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019751	polyol metabolic process	42	3.47E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006165	nucleoside diphosphate phosphorylation	43	3.50E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006885	regulation of pH	35	3.51E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0072655	establishment of protein localization to mitochondrion	44	3.52E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0061025	membrane fusion	52	3.59E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016577	histone demethylation	14	3.62E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051225	spindle assembly	37	3.69E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0140029	exocytic process	28	3.72E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1901653	cellular response to peptide	108	3.72E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006497	protein lipidation	32	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071226	cellular response to molecule of fungal origin	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006206	pyrimidine nucleobase metabolic process	9	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019322	pentose biosynthetic process	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002265	astrocyte activation involved in immune response	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009051	pentose-phosphate shunt, oxidative branch	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:2000491	positive regulation of hepatic stellate cell activation	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0038123	toll-like receptor TLR1:TLR2 signaling pathway	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0038124	toll-like receptor TLR6:TLR2 signaling pathway	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000266	mitochondrial fission	17	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903903	regulation of establishment of T cell polarity	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1902566	regulation of eosinophil activation	4	3.73E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019262	N-acetylneuraminate catabolic process	5	3.78E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031399	regulation of protein modification process	443	3.79E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000902	cell morphogenesis	254	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031023	microtubule organizing center organization	43	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0060491	regulation of cell projection assembly	55	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007266	Rho protein signal transduction	43	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042177	negative regulation of protein catabolic process	42	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032006	regulation of TOR signaling	34	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006468	protein phosphorylation	468	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043302	positive regulation of leukocyte degranulation	12	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0036010	protein localization to endosome	12	3.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009132	nucleoside diphosphate metabolic process	48	3.94E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090312	positive regulation of protein deacetylation	11	3.94E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0055086	nucleobase-containing small molecule metabolic process	158	3.97E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000398	mRNA splicing, via spliceosome	96	4.03E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000377	RNA splicing, via transesterification reactions with bulged adenosine as nucleophile	96	4.03E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032970	regulation of actin filament-based process	109	4.07E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043277	apoptotic cell clearance	20	4.36E-02

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	GO Biyolojik Proses	GO:0042158	lipoprotein biosynthetic process	33	4.42E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0052126	movement in host environment	51	4.43E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045862	positive regulation of proteolysis	99	4.44E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006090	pyruvate metabolic process	47	4.46E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0120034	positive regulation of plasma membrane bounded cell projection assembly	34	4.52E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051090	regulation of DNA-binding transcription factor activity	119	4.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0016071	mRNA metabolic process	212	4.62E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010803	regulation of tumor necrosis factor-mediated signaling pathway	23	4.63E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0022402	cell cycle process	331	4.71E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903146	regulation of autophagy of mitochondrion	17	4.79E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903307	positive regulation of regulated secretory pathway	21	4.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046475	glycerophospholipid catabolic process	14	4.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903955	positive regulation of protein targeting to mitochondrion	14	4.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009615	response to virus	95	4.83E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0070849	response to epidermal growth factor	19	4.85E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0072593	reactive oxygen species metabolic process	79	4.85E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006508	proteolysis	422	4.85E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030433	ubiquitin-dependent ERAD pathway	27	4.87E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0018210	peptidyl-threonine modification	40	4.90E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0110053	regulation of actin filament organization	78	4.93E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0046513	ceramide biosynthetic process	24	4.93E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002832	negative regulation of response to biotic stimulus	32	4.95E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04142	Lysosome	74	6.67E-17
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04666	Fc gamma R-mediated phagocytosis	42	1.93E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04144	Endocytosis	88	1.93E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00511	Other glycan degradation	14	4.36E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04380	Osteoclast differentiation	51	4.37E-05
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04071	Sphingolipid signaling pathway	48	1.14E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04910	Insulin signaling pathway	52	2.45E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:01100	Metabolic pathways	382	2.88E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05135	Yersinia infection	49	4.37E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05131	Shigellosis	80	4.74E-04
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05221	Acute myeloid leukemia	29	1.28E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04611	Platelet activation	46	1.28E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04140	Autophagy - animal	49	1.52E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05220	Chronic myeloid leukemia	31	2.39E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05132	Salmonella infection	69	2.46E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04070	Phosphatidylinositol signaling system	37	2.50E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00520	Amino sugar and nucleotide sugar metabolism	22	2.50E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04072	Phospholipase D signaling pathway	51	2.50E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04662	B cell receptor signaling pathway	31	4.09E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04136	Autophagy - other	16	5.40E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00564	Glycerophospholipid metabolism	36	5.63E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00600	Sphingolipid metabolism	21	8.55E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00531	Glycosaminoglycan degradation	11	8.55E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04931	Insulin resistance	38	9.14E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00562	Inositol phosphate metabolism	28	9.42E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05231	Choline metabolism in cancer	35	9.94E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04664	Fc epsilon RI signaling pathway	26	1.09E-02

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Turkuaz	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04920	Adipocytokine signaling pathway	26	1.36E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04810	Regulation of actin cytoskeleton	64	1.80E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04145	Phagosome	47	1.97E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:01212	Fatty acid metabolism	22	2.49E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00310	Lysine degradation	23	2.77E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05168	Herpes simplex virus 1 infection	130	2.83E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04062	Chemokine signaling pathway	57	3.07E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05212	Pancreatic cancer	27	3.07E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04210	Apoptosis	43	3.17E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04722	Neurotrophin signaling pathway	38	4.28E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04150	mTOR signaling pathway	47	4.31E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05223	Non-small cell lung cancer	24	4.80E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:00030	Pentose phosphate pathway	13	4.80E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:01521	EGFR tyrosine kinase inhibitor resistance	27	4.80E-02
Mavi	GO Biyolojik Proses	GO:0018027	peptidyl-lysine dimethylation	5	4.03E-02
Kahverengi	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:01100	Metabolic pathways	22	8.03E-03
Sarı	GO Biyolojik Proses	GO:0006958	complement activation, classical pathway	16	5.85E-18
	GO Biyolojik Proses	GO:0002455	humoral immune response mediated by circulating immunoglobulin	16	1.25E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0006956	complement activation	16	9.65E-17
	GO Biyolojik Proses	GO:0002250	adaptive immune response	23	6.41E-16
	GO Biyolojik Proses	GO:0002377	immunoglobulin production	16	6.41E-16
	GO Biyolojik Proses	GO:0016064	immunoglobulin mediated immune response	16	2.06E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0019724	B cell mediated immunity	16	2.18E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0030449	regulation of complement activation	13	2.43E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0002460	adaptive immune response based on somatic recombination of immune receptors built from immunoglobulin superfamily domains	18	6.03E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0002440	production of molecular mediator of immune response	17	7.41E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0006959	humoral immune response	18	8.69E-15
	GO Biyolojik Proses	GO:0002920	regulation of humoral immune response	13	1.73E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0038096	Fc-gamma receptor signaling pathway involved in phagocytosis	13	2.45E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0002433	immune response-regulating cell surface receptor signaling pathway involved in phagocytosis	13	2.45E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0038094	Fc-gamma receptor signaling pathway	13	3.38E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0002431	Fc receptor mediated stimulatory signaling pathway	13	4.20E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0002449	lymphocyte mediated immunity	17	5.76E-14
	GO Biyolojik Proses	GO:0006909	phagocytosis	17	1.57E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0006898	receptor-mediated endocytosis	16	1.76E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0038095	Fc-epsilon receptor signaling pathway	13	2.85E-13
	GO Biyolojik Proses	GO:0002429	immune response-activating cell surface receptor signaling pathway	17	3.84E-12
	GO Biyolojik Proses	GO:0002757	immune response-activating signal transduction	17	3.84E-12

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Sarı	GO Biyolojik Proses	GO:0002768	immune response-regulating cell surface receptor signaling pathway	17	1.09E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0002764	immune response-regulating signaling pathway	17	1.15E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0050900	leukocyte migration	17	1.29E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0038093	Fc receptor signaling pathway	13	2.28E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0050778	positive regulation of immune response	19	4.98E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0002253	activation of immune response	17	4.98E-11
	GO Biyolojik Proses	GO:0002697	regulation of immune effector process	15	5.61E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0006897	endocytosis	17	7.57E-10
	GO Biyolojik Proses	GO:0050776	regulation of immune response	19	6.23E-09
	GO Biyolojik Proses	GO:0002684	positive regulation of immune system process	19	2.73E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0002443	leukocyte mediated immunity	17	4.90E-08
	GO Biyolojik Proses	GO:0006955	immune response	24	1.38E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0002252	immune effector process	18	2.34E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0002682	regulation of immune system process	20	2.62E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0002376	immune system process	27	1.79E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0048870	cell motility	19	6.08E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0051674	localization of cell	19	6.08E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0016477	cell migration	18	6.45E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0060267	positive regulation of respiratory burst	3	8.66E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0048584	positive regulation of response to stimulus	22	9.17E-05
	GO Biyolojik Proses	GO:0006928	movement of cell or subcellular component	21	1.10E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0040011	locomotion	19	2.48E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0016192	vesicle-mediated transport	19	6.14E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0060263	regulation of respiratory burst	3	6.14E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0003094	glomerular filtration	3	2.00E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0050853	B cell receptor signaling pathway	5	2.07E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0097205	renal filtration	3	2.16E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0009617	response to bacterium	10	3.98E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0006910	phagocytosis, recognition	4	4.82E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0045730	respiratory burst	3	5.46E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0007166	cell surface receptor signaling pathway	22	5.56E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0050864	regulation of B cell activation	5	9.66E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0048518	positive regulation of biological process	33	1.26E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042113	B cell activation	6	1.54E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006911	phagocytosis, engulfment	4	1.69E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0019731	antibacterial humoral response	3	2.01E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0099024	plasma membrane invagination	4	2.12E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042742	defense response to bacterium	6	2.14E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051251	positive regulation of lymphocyte activation	6	2.30E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048583	regulation of response to stimulus	25	2.30E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0010324	membrane invagination	4	2.46E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051249	regulation of lymphocyte activation	7	2.80E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050871	positive regulation of B cell activation	4	2.84E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0001895	retina homeostasis	3	4.02E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0002696	positive regulation of leukocyte activation	6	4.03E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050896	response to stimulus	41	4.12E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007165	signal transduction	31	4.12E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0035024	negative regulation of Rho protein signal transduction	2	4.45E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050867	positive regulation of cell activation	6	4.55E-02

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Yeşil	GO Biyolojik Proses	GO:0014829	vascular associated smooth muscle contraction	3	1.67E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1904694	negative regulation of vascular associated smooth muscle contraction	2	1.67E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0045906	negative regulation of vasoconstriction	2	4.38E-02
Kırmızı	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03040	Spliceosome	4	3.63E-07
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:03013	RNA transport	4	3.79E-07
Siyah	GO Biyolojik Proses	GO:0002576	platelet degranulation	8	4.94E-06
	GO Biyolojik Proses	GO:0042060	wound healing	11	1.56E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0009611	response to wounding	12	1.56E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0030168	platelet activation	7	1.56E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0007596	blood coagulation	9	1.70E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0007599	hemostasis	9	1.70E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0050817	coagulation	9	1.70E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0065008	regulation of biological quality	28	1.96E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0050878	regulation of body fluid levels	10	3.63E-04
	GO Biyolojik Proses	GO:0006887	exocytosis	12	1.23E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0030221	basophil differentiation	2	1.46E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0045055	regulated exocytosis	11	1.53E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032501	multicellular organismal process	38	1.85E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0140352	export from cell	15	2.10E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051128	regulation of cellular component organization	19	2.71E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0046903	secretion	15	3.41E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0070527	platelet aggregation	4	3.41E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0000902	cell morphogenesis	12	3.41E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0051649	establishment of localization in cell	20	3.55E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0032940	secretion by cell	14	4.49E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016192	vesicle-mediated transport	17	5.18E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0030029	actin filament-based process	10	7.32E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0016043	cellular component organization	32	8.09E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1902903	regulation of supramolecular fiber organization	7	8.09E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:0034109	homotypic cell-cell adhesion	4	8.73E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:1901879	regulation of protein depolymerization	4	9.17E-03
	GO Biyolojik Proses	GO:2000145	regulation of cell motility	11	1.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030036	actin cytoskeleton organization	9	1.12E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048821	erythrocyte development	3	1.19E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0071840	cellular component organization or biogenesis	32	1.20E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0040012	regulation of locomotion	11	1.31E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0060215	primitive hemopoiesis	2	1.33E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051693	actin filament capping	3	1.33E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032879	regulation of localization	19	1.33E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030835	negative regulation of actin filament depolymerization	3	1.53E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051641	cellular localization	21	1.53E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007154	cell communication	32	1.53E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051270	regulation of cellular component movement	11	1.55E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051261	protein depolymerization	4	1.70E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006810	transport	27	1.83E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051179	localization	32	1.83E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030334	regulation of cell migration	10	1.92E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043244	regulation of protein-containing complex disassembly	4	1.92E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007010	cytoskeleton organization	12	2.07E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030834	regulation of actin filament depolymerization	3	2.18E-02

Ek-2C: GSE141646 WGCNA Modülleri GO-KEGG Analizi Sonuçları

Modül	Terim Kategorisi	Terim ID	Terim Adı	Gen Sayısı	Adj-P Değeri
Siyah	GO Biyolojik Proses	GO:0048523	negative regulation of cellular process	26	2.18E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007160	cell-matrix adhesion	5	2.18E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031589	cell-substrate adhesion	6	2.26E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051234	establishment of localization	27	2.29E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032956	regulation of actin cytoskeleton organization	6	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030042	actin filament depolymerization	3	2.37E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090066	regulation of anatomical structure size	7	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0031333	negative regulation of protein-containing complex assembly	4	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0022610	biological adhesion	12	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0048871	multicellular organismal homeostasis	7	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007155	cell adhesion	12	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0023052	signaling	31	2.61E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032535	regulation of cellular component size	6	2.77E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030837	negative regulation of actin filament polymerization	3	2.99E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0061041	regulation of wound healing	4	3.05E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0097435	supramolecular fiber organization	8	3.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0090136	epithelial cell-cell adhesion	2	3.06E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042592	homeostatic process	14	3.25E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051493	regulation of cytoskeleton organization	7	3.25E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0040011	locomotion	14	3.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1902904	negative regulation of supramolecular fiber organization	4	3.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1901880	negative regulation of protein depolymerization	3	3.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032970	regulation of actin filament-based process	6	3.34E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0061515	myeloid cell development	3	3.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0110053	regulation of actin filament organization	5	3.57E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0000904	cell morphogenesis involved in differentiation	8	3.67E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0006928	movement of cell or subcellular component	15	3.74E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0042221	response to chemical	24	3.97E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0007015	actin filament organization	6	4.03E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0009653	anatomical structure morphogenesis	17	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030833	regulation of actin filament polymerization	4	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0060216	definitive hemopoiesis	2	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030193	regulation of blood coagulation	3	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043242	negative regulation of protein-containing complex disassembly	3	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0032272	negative regulation of protein polymerization	3	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030220	platelet formation	2	4.09E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1900046	regulation of hemostasis	3	4.18E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0036344	platelet morphogenesis	2	4.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0043254	regulation of protein-containing complex assembly	6	4.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0035584	calcium-mediated signaling using intracellular calcium source	2	4.22E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0051239	regulation of multicellular organismal process	19	4.36E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:1903034	regulation of response to wounding	4	4.36E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0035162	embryonic hemopoiesis	2	4.45E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0050818	regulation of coagulation	3	4.86E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0008064	regulation of actin polymerization or depolymerization	4	4.90E-02
	GO Biyolojik Proses	GO:0030832	regulation of actin filament length	4	4.94E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04611	Platelet activation	5	4.40E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04610	Complement and coagulation cascades	4	7.78E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05414	Dilated cardiomyopathy	4	7.98E-03
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04510	Focal adhesion	5	1.05E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04923	Regulation of lipolysis in adipocytes	3	1.41E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:04512	ECM-receptor interaction	3	4.43E-02
	KEGG Metabolik Yolak	KEGG:05410	Hypertrophic cardiomyopathy	3	4.43E-02

Özgeçmiş

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı: Kerem UZALA

Uyruğu: T.C.

EĞİTİM

Derece	Kurum	Mezuniyet Yılı
Lisans	İstanbul Üniversitesi, Fen Fakültesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü	2014
Yüksek Lisans	İMU, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Biyolojik Veri Bilimi Anabilim Dalı	2022

YABANCI DİLLER

İleri düzeyde İngilizce

YAYINLAR

Fatima A, Işık EB and APBioNet. Proceedings of the 5th International Symposium on Bioinformatics (InSyB2021) [version 1; not peer reviewed]. F1000Research 2022, 11:60 (document) pp. 39 <https://doi.org/10.7490/f1000research.1118906.1>

HOBİLER

Fotoğrafçılık, havacılık, sinema, kamp, telsizcilik