

5. Single-Cell RNA-seq Analizleri

Single-cell RNA-seq analizleri, hücresel heterojenitenin ve hücre tiplerine özgü gen ekspresyon profillerinin detaylı olarak ortaya konmasını sağlar. Bu hizmet kapsamında tek hücre verileri kalite kontrol, normalizasyon, boyut indirgeme ve kümeleme adımlarından geçirilir; hücre tipleri tanımlanır ve hücresel dinamikler biyolojik olarak yorumlanır.

Aşağıdaki paketler, temel scRNA-seq işleme, hücre tipi anotasyonu ve ileri seviye diferansiyel analizleri kapsamaktadır.

Paket	Kapsam	Çıktılar
5.1. Temel scRNA-seq İşleme	<ul style="list-style-type: none">• Hücre ve gen filtreleme (QC)• Doublet tespiti (opsiyonel)• Normalizasyon & scaling• Batch correction• Boyut indirgeme (PCA)• UMAP / t-SNE görselleştirme• Kümeleme (cluster analizi)	<ul style="list-style-type: none">• Seurat/Scanpy obje dosyası• QC özet raporu• UMAP / t-SNE cluster grafikleri
5.2. Hücre Tipi Anotasyonu	<ul style="list-style-type: none">• Küme bazlı marker gen analizi• Referans tabanlı anotasyon (SingleR / Azimuth vb.)• Cluster marker heatmap ve dot-plot	<ul style="list-style-type: none">• Hücre tipi anotasyon tablosu• Cluster başına marker gen listeleri• Marker/heatmap görselleri
5.3. Diferansiyel Ekspresyon, Trajectory & Zenginleştirme	<ul style="list-style-type: none">• Cluster bazlı diferansiyel ekspresyon (DE) analizi• Trajectory / pseudotime analizi (uygunsa)• Fonksiyonel zenginleştirme (GO / KEGG, pathway analizi)	<ul style="list-style-type: none">• DE gen tabloları• Trajectory / pseudotime grafikleri• GO/KEGG zenginleştirme ve pathway raporları