

T.C.
YILDIZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

SÜSPANSİYON KÜLTÜRLERİNDE
GÖRÜNTÜ TABANLI FENOTİP TAYİN
SİSTEMİNİN GELİŞTİRİLMESİ

Zafer AKAR

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı

Moleküler Biyoloji ve Genetik Programı

Danışman

Doç. Dr. Alper YILMAZ

Temmuz, 2025

T.C.
YILDIZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**SÜSPANSİYON KÜLTÜRLERİNDE GÖRÜNTÜ TABANLI
FENOTİP TAYİN SİSTEMİNİN GELİŞTİRİLMESİ**

Zafer AKAR tarafından hazırlanan tez çalışması 02.07.2025 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Yıldız Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı, Moleküler Biyoloji ve Genetik Programı **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Alper YILMAZ
Yıldız Teknik Üniversitesi
Danışman

Jüri Üyeleri

Doç. Dr. Alper YILMAZ, Danışman
Yıldız Teknik Üniversitesi

Prof. Dr. Semiha ERİŞEN, Üye
Yıldız Teknik Üniversitesi

Doç. Dr. Nebi GEDİK, Üye
Sağlık Bilimleri Üniversitesi

Danışmanım Doç. Dr. Alper YILMAZ sorumluluğunda tarafımca hazırlanan “Süspansiyon Kùltürlerinde Görüntü Tabanlı Fenotip Tayin Sisteminin Geliştirilmesi” başlıklı çalışmada veri toplama ve veri kullanımında gerekli yasal izinleri aldığımı, diğer kaynaklardan aldığım bilgileri ana metin ve referanslarda eksiksiz gösterdiğimi, araştırma verilerine ve sonuçlarına ilişkin çarpıtma ve/veya sahtecilik yapmadığımı, çalışmam süresince bilimsel araştırma ve etik ilkelerine uygun davrandığımı beyan ederim. Beyanımın aksinin ispatı halinde her türlü yasal sonucu kabul ederim.

Zafer AKAR

TEŞEKKÜR

Tez çalışmamın gerçekleştirilmesi sürecinde Doç. Dr. Alper YILMAZ’a rehberliği için teşekkür ederim. Bu çalışmanın yürütülmesi sürecinde bilgi birikimlerini benimle paylaşan, laboratuvar ortamı ve araştırma imkânları sağlayarak bana büyük destek veren ve her zaman yanımda olan Prof. Dr. Semiha ERİŞEN’e içten teşekkürlerimi sunarım.

Tez sürecinde karşılaştığım zorluklarda yanımda olarak verdikleri moral ve motivasyon desteği için Arş. Gör. Fatma Şayan POYRAZ’a ve Arş. Gör. Şener ÇİNTESUN’a gönülden teşekkür ederim.

Hayatım boyunca beni koşulsuz destekleyen, her zaman yanımda olan değerli aileme sevgim ve şükranımla teşekkür ederim.

Son olarak, bilimsel düşünceyi, akıllı ve ilerlemeyi ilke edinmemizin önünü açan, bağımsız Türkiye Cumhuriyeti’nin kurucusu Gazi Mustafa Kemal ATATÜRK’e minnet ve saygıyla...

Zafer AKAR

İÇİNDEKİLER

SİMGE LİSTESİ	vii
KISALTMA LİSTESİ	viii
ŞEKİL LİSTESİ	ix
TABLO LİSTESİ	xi
ÖZET	xiv
ABSTRACT	xvi
1 GİRİŞ	1
1.1 Literatür Özeti	1
1.2 Tezin Amacı	2
1.3 Hipotez	2
2 GENEL BİLGİLER	3
2.1 RGB Küp Uzay Düzlemi	3
2.1.1 Ortalama RGB Değeri Hesaplama	4
2.2 Z-Skor (Standart Puan)	4
2.3 Lineer ve Üstel Değişim Hesaplamaları	5
2.3.1 Lineer Değişim	5
2.3.2 Üstel Değişim	5
2.4 Kosinüs Benzerliği ve Ağırlıklı Skorlama	6
2.4.1 Kosinüs Benzerliği	6
2.4.2 Ağırlıklı Skorlama	7
2.5 Rastgele Orman Regresyonu	7
2.6 Yapay Sinir Ağları ve Nöronlar	8
2.6.1 Yapay Nöronlar	8
2.6.2 Yapay Sinir Ağları	11
2.7 Öklid Mesafesi	12
2.8 Işık Yayılmı ve Parçacıklar ile Işık Etkileşimleri	13

2.8.1 Mie ve Rayleigh Saçılmaları	13
2.9 Python Yazılım Dili	15
2.10 Süspansiyon Kültürleri.....	15
2.10.1 <i>Medicago sativa</i>	16
2.10.2 <i>Escherichia coli</i>	17
2.10.3 <i>Agrobacterium tumefaciens</i>	17
2.10.4 <i>Fusarium oxysporum</i>	18
3 MATERYAL VE METOT	19
3.1 Materyal	19
3.1.1 Kullanılan Materyaller	19
3.1.2 Kullanılan Alet ve Malzemeler	20
3.2 Metot	21
3.2.1 Görüntülerin Alınması İçin Kayıt Ortamının Oluşturulması	21
3.2.2 Görüntü ve Ölçüm Veri Seti Yapılarının Oluşturulması	22
3.2.3 Eğitim Algoritmasının Oluşturulması	23
3.2.4 Çıkarım Algoritmalarının Oluşturulması	26
3.2.5 Model Karşılaştırmaları için 3 Boyutlu Haritalama Ortamının Oluşturulması	29
3.2.6 Algoritmaların Python ile Kodlanması ve Arayüzün Oluşturulması	29
3.2.7 <i>M.sativa</i> Süspansiyon Kültürlerinin Oluşturulması	30
3.2.8 <i>E. coli</i> Kültürünün Oluşturulması	33
3.2.9 <i>A.tumefaciens</i> Kültürünün Oluşturulması	33
3.2.10 <i>F.oxysporum</i> Kültürünün Oluşturulması	34
3.2.11 Görüntü ve Ölçüm Veri Setleri İçin Süspansiyon Kültürlerinin Oluşturulması	34
3.2.12 <i>M.sativa</i> Süspansiyon Kültürlerinin Görüntü ve Ölçüm Veri Setleri ile Hayat Döngüsü Model Eğitimleri ve Çıkarımları	39

3.2.13	<i>M.sativa</i> Süspansiyon Kültürlerinin Görüntü Veri Setleri ile Kontaminasyon Tespit Model Eğitimleri ve Çıkarımları	40
3.2.14	<i>E.coli</i> ve <i>A.tumefaciens</i> Kültürlerinin Görüntü ve Ölçüm Veri Setleri ile Hücre Yoğunluğu Tespit Model Eğitimleri ve Çıkarımları	41
3.2.15	Modellerin 3 Boyutlu Haritama ile Karşılaştırılması	42
4	SONUÇ	46
4.1	Eğitilen Modellerin Çıkarım Doğruluğu Değerlendirmeleri	46
4.2	<i>M.sativa</i> Süspansiyon Kültürlerinin Hayat Döngüsü Tespit Model Performans Sonuçları.....	47
4.2.1	Model 1'in Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skolama Algoritması, Rastgele Orman Regresyon Analizi ve Yapay Sinir Ağlarının Performans Karşılaştırmaları	47
4.2.2	Model 2'nin Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skolama Algoritması, Rastgele Orman Regresyon Analizi ve Yapay Sinir Ağlarının Performans Karşılaştırmaları	48
4.2.3	Model 3'ün Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skolama Algoritması, Rastgele Orman Regresyon Analizi ve Yapay Sinir Ağlarının Performans Karşılaştırmaları	50
4.3	<i>M.sativa</i> Süspansiyon Kültürlerinin Kontaminasyon Tespit Model Performans Sonuçları.....	52
4.3.1	Birleştirilmiş C1 Modelinin Performans Sonuçları	52
4.3.2	Birleştirilmiş C2 Modelinin Performans Sonuçları	53
4.4	<i>E.coli</i> ve <i>A.tumefaciens</i> Kültürlerinin Hücre Yoğunluğu Tespit Model Performans Sonuçları.....	55
4.4.1	Model Ec1'in Performans Sonuçları	55
4.4.2	Model At1'in Performans Sonuçları	56
4.5	Modellerin 3 Boyutlu Haritama ile Karşılaştırılması.....	57
4.6	Tartışma ve Öneriler	59
	KAYNAKÇA	65
	A DETAYLI ÇIKARIM SONUÇLARI	72
	TEZDEN ÜRETİLMİŞ YAYINLAR	106

SİMGE LİSTESİ

rpm	Dakikadaki dönüş sayısı
°	Derece
g	Gram
K	Kelvin
l	Litre
lm	Lümen
µl	Mikrolitre
mg	Miligram
ml	Mililitre
mm	Milimetre
nm	Nanometre
°C	Santigrat derece
cm	Santimetre
%	Yüzde
W	Watt

KISALTMA LİSTESİ

2-4 D	2,4-Diklorofenoksiasetik Asit
3B	Üç Boyutlu
Ar-Ge	Araştırma ve Geliştirme
CIE	International Commission on Illumination
DNA	Deoksiriboz Nükleik Asit
ISO	International Standart of Organization
LB	Luria Broth
LED	Light-Emitting Diode
PDA	Potato Dextrose Agar
ReLU	Rectified Linear Unit
RGB	Red-Green-Blue
YSA	Yapay Sinir Ağları
xlsx	Excel Çalışma Kitabı

ŞEKİL LİSTESİ

Şekil 2.1	RGB renk uzay düzlemi.....	4
Şekil 2.2	Rastgele orman regresyonu şeması.....	8
Şekil 2.3	Yapay nöronun çalışma şeması	9
Şekil 2.4	Yapay sinir ağlarının temsili gösterimi.....	12
Şekil 2.5	Rayleigh saçılması örnek gösterimi.....	14
Şekil 2.6	Mie saçılması örnek gösterimi.....	14
Şekil 3.1	Kayıt ortamının tasarımı	21
Şekil 3.2	Kayıt ortamının görüntüleri. a) Kayıt ortamının yan görüntüsü, b) Kayıt ortamının ön görüntüsü, c) Kayıt ortamının arka görüntüsü, d) Kayıt ortamının iç görüntüsü.....	22
Şekil 3.3	Ölçüm veri seti yapısı	23
Şekil 3.4	Ara değer hesaplamalarının şeması	24
Şekil 3.5	İki kontrol noktası arasında artış-azalış hesaplamalarının şeması.....	24
Şekil 3.6	Örnek olarak, bir ölçüm veri setine sahip iki modelin zaman uyumu ile birleştirilmesi	25
Şekil 3.7	Örnek olarak, bir ölçüm veri setine sahip iki modelin zaman uyumu gözetilmeden birleştirilmesi	26
Şekil 3.8	Rastgele orman regresyon modeli ile çıkarım şeması	28
Şekil 3.9	Yapay sinir ağı modeli ile çıkarım şeması.....	29
Şekil 3.10	14 gün boyunca inkübe edilen <i>M.sativa</i> tohumları	31
Şekil 3.11	Oluşturulan <i>M.sativa</i> kallusları	31
Şekil 3.12	3 adet negatif kontrol, 9 adet öncü kültür.....	32
Şekil 3.13	K1, K2 ve K3'ün karanlık ortamda, A1, A2 ve A3'ün ise aydınlık ortamda inkübasyon için ayrılması.....	32
Şekil 3.14	16 saat inkübasyon sonrası <i>Escherichia coli</i> süspansiyon kültürü.....	33
Şekil 3.15	16 saat inkübasyon sonrası <i>Agrobacterium tumefaciens</i> süspansiyon kültürü	33
Şekil 3.16	Katı kültürden alınan <i>F.oxysporum</i> örneğinin MS sıvı kültüründe 16 saat inkübasyonu	34
Şekil 3.17	Oluşturulan 6 adet <i>M.sativa</i> süspansiyon kültürleri	35
Şekil 3.18	Etüvde kurutulan <i>M.sativa</i> hücreleri	36

Şekil 3.19	Tripan mavisi canlılık tayini ile ölü ve canlı hücrelerinin mikroskop altında görüntülenmesi	37
Şekil 3.20	Kontaminasyon tespiti için hazırlanmış süspansiyon kültürleri.....	38
Şekil 3.21	Oluşturulan 3 adet <i>Agrobacterium tumefaciens</i> ve 3 adet <i>Escherichia coli</i> süspansiyon kültürleri	39
Şekil 3.22	Modellerin eğitimleri ve çıkarımlar için kullanılan süspansiyon kültürleri	40
Şekil 3.23	Kontaminasyon tespit çıkarımlarının şeması	41
Şekil 3.24	Hücre yoğunluğu tespit çıkarımlarının şeması	42
Şekil 3.25	Hat1 Ana, Hat2 Ana ve Hat3 Ana modellerinin oluşturulma şeması..	43
Şekil 3.26	C Ana, A Ana, E Ana, F Ana ve S Ana modellerinin oluşturulma şeması	44
Şekil 3.27	At Ana ve Ec Ana modellerinin oluşturulma şeması	45
Şekil 4.1	Hat1 Ana Model, Hat2 Ana Model ve Hat3 Ana Model'lerinin karşılaştırılması	58
Şekil 4.2	A Ana Model, C Ana Model, E Ana Model, F Ana Model ve S Ana Model'lerinin karşılaştırılması	58
Şekil 4.3	At Ana Model ile Ec Ana Model'lerinin karşılaştırılması	59
Şekil 4.4	Mie ve Rayleigh saçılmalarının karşılaştırılması	61

TABLO LİSTESİ

Tablo 3.1	Çalışmalarda kullanılan materyaller	19
Tablo 3.2	Çalışmalarda kullanılan cihazlar ve aletler	20
Tablo 4.1	Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen kuru biyokütle, hücre canlılığı ve büyüme eğrisi çıkarım sonuçları	48
Tablo 4.2	Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen kuru biyokütle, hücre canlılığı ve büyüme eğrisi çıkarım sonuçları	49
Tablo 4.3	Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen kuru biyokütle, hücre canlılığı ve büyüme eğrisi çıkarım sonuçları	51
Tablo 4.4	Birleştirilmiş C1 modeli kullanılarak A, E, F ve S grupları ile gerçekleştirilen kontaminasyon tespiti çıkarım sonuçları.....	52
Tablo 4.5	Birleştirilmiş C2 modeli kullanılarak A, E, F ve S grupları ile gerçekleştirilen kontaminasyon tespiti çıkarım sonuçları.....	54
Tablo 4.6	Model Ec1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları.....	55
Tablo 4.7	Model Ec1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları.....	57
Tablo A.1	Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları.....	72
Tablo A.2	Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları	73
Tablo A.3	Model 1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları.....	74
Tablo A.4	Model 1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları.....	75
Tablo A.5	Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen büyüme eğrisi çıkarım sonuçları	76
Tablo A.6	Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları.....	79

Tablo A.7	Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skrlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları	80
Tablo A.8	Model 2'nin rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları.....	81
Tablo A.9	Model 2'nin rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları.....	82
Tablo A.10	Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skrlama algoritması ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen büyüme eğrisi çıkarım sonuçları	83
Tablo A.11	Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skrlama algoritması ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları	85
Tablo A.12	Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skrlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları.....	87
Tablo A.13	Model 3'ün rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları	88
Tablo A.14	Model 3'ün rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları	89
Tablo A.15	Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skrlama algoritması ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen büyüme eğrisi çıkarım sonuçları	90
Tablo A.16	Birleştirilmiş C1 modelinin Agrobacterium tumefaciens ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri	92
Tablo A.17	Birleştirilmiş C1 modelinin E.coli ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri.....	93
Tablo A.18	Birleştirilmiş C1 modelinin F.oxysporum ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri	94
Tablo A.19	Birleştirilmiş C1 modelinin Saliva ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri.....	95
Tablo A.20	Birleştirilmiş C2 modelinin Agrobacterium tumefaciens ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri	96
Tablo A.21	Birleştirilmiş C2 modelinin E.coli ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri.....	97
Tablo A.22	Birleştirilmiş C2 modelinin F.oxysporum ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri	98
Tablo A.23	Birleştirilmiş C2 modelinin Saliva ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri.....	99
Tablo A.24	Model Ec1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skrlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları.....	100
Tablo A.25	Model Ec1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skrlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları.....	101
Tablo A.26	Model Ec1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları	101

Tablo A.27	Model Ecl'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları	102
Tablo A.28	Model At1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları.....	103
Tablo A.29	Model At1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları.....	104
Tablo A.30	Model At1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları	104
Tablo A.31	Model At1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları	105



Süspansiyon Kültürlerinde Görüntü Tabanlı Fenotip Tayin Sisteminin Geliştirilmesi

Zafer AKAR

Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı

Yüksek Lisans Tezi

Danışman: Doç. Dr. Alper YILMAZ

Süspansiyon kültürleri biyoteknolojide ve endüstriyel alanlarda yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu kültürler kullanılarak, hızlı ve etkili bir biçimde rekombinant proteinler, enzimler, sekonder metabolitler gibi komponentlerin üretimi sağlanabilir. Yüksek verimliliklerine rağmen kontaminasyon risklerine karşı açık olması, çeşitli analizler için örnek alımı sırasında hücrelerin strese girmesi gibi sorunlar seri üretime zarar vermektedir.

Bu çalışmada, 3 farklı deney düzeni oluşturuldu. Birinci deney düzeninde *Medicago sativa* süspansiyon kültürlerinde biyokütle ve hücre canlılığı tespitleri gerçekleştirildi. İkinci deney düzeninde *Medicago sativa* süspansiyon kültürleri, *Agrobacterium tumefaciens*, *Escherichia coli*, *Fusarium oxysporum* ve *saliva* ile kontamine edilerek kontaminasyon tespitleri gerçekleştirilirken üçüncü deney düzeninde *A.tumefaciens* ve *E.coli* kültürlerinde hücre yoğunluğu tespitleri gerçekleştirildi. Tespitlerin gerçekleştirilmesinde, kaydedilen görüntülerin RGB renk uzayı üzerindeki zamana bağlı değişimlerinin tespitleri için minimum mesafe ve ağırlıklı skrolama algoritması (MMASA) geliştirildi. Ek olarak rastgele orman

regresyonu (ROR) ve yapay sinir ağıları (YSA) ile modeller eğitilerek çıkarım performansları karşılaştırıldı.

Biyokütle, hücre canlılığı, büyüme eğrisi ve kontaminasyon çıkarımları için MMASA kullanıldı. Biyokütle ve hücre canlılığı çıkarımları için ROR kullanıldı. Büyüme eğrisi çıkarımları için YSA kullanıldı.

MMASA ile gerçekleştirilen 13 çıkarımın ortalama toplam doğruluğu %97.24, ROR ile gerçekleştirilen 10 çıkarımın ortalama toplam doğruluğu %94.22 ve YSA ile gerçekleştirilen 3 çıkarımın ortalama yüzdesel doğruluğu %47.06 olarak hesaplandı. Kontaminasyon tespit çıkarımlarında en erken tespit 12. saatte *F.oxysporum* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültüründe gerçekleşirken, en geç tespit 24. saatte *saliva* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültüründe gerçekleşti.

Sonuç olarak, MMASA diğer algoritmalara göre daha yüksek performans gösterdi. Bu çalışma, süspansiyon kültürlerinin kalite kontrolü ile durum tespitinde daha hızlı ve güvenli bir alternatif sistem olarak sunulabilir.

Anahtar Kelimeler: RGB renk uzayı, süspansiyon kültürleri, minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama, rastgele orman regresyonu, yapay sinir ağıları

ABSTRACT

Development of Image-Based Phenotype Determination System in Suspension Cultures

Zafer AKAR

Department of Molecular Biology and Genetics

Master of Science Thesis

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Alper YILMAZ

Suspension cultures are widely used in biotechnology and industrial fields. Using these cultures, components such as recombinant proteins, enzymes, and secondary metabolites can be produced quickly and effectively. Despite their high productivity, problems such as being open to contamination risks and stressing cells during sample collection for various analyses harm mass production.

In this study, 3 different experimental setups were created. In the first experimental setup, biomass and cell viability determinations were performed in *Medicago sativa* suspension cultures. In the second experimental setup, *Medicago sativa* suspension cultures were contaminated with *Agrobacterium tumefaciens*, *Escherichia coli*, *Fusarium oxysporum*, and saliva to perform contamination determinations, while in the third experimental setup, cell density determinations were performed in *A.tumefaciens* and *E.coli* cultures. In performing the determinations, a minimum distance and weighted scoring algorithm (MDWSA) was developed to detect time-dependent changes in the RGB color space of the recorded images. In addition, models were trained with random forest regression (RFR) and artificial neural networks (ANN) and their inference performances were compared.

MDWSA was used for biomass, cell viability, growth curve and contamination inferences. RFR was used for biomass and cell viability inferences. ANN was used for growth curve inferences.

The average total accuracy of 13 inferences performed with MDWSA was calculated as 97.24%, the average total accuracy of 10 inferences performed with RFR was 94.22% and the average percentage accuracy of 3 inferences performed with ANN was 47.06%. In contamination detection inferences, the earliest detection occurred at 12 hours in suspension culture contaminated with *F.oxysporum*, while the latest detection occurred at 24 hours in suspension culture contaminated with saliva.

As a result, MDWSA showed higher performance compared to other algorithms. This study can be presented as a faster and safer alternative system for quality control and status determination of suspension cultures.

Keywords: RGB color space, suspension cultures, minimum distance and weighted scoring, random forest regression, artificial neural networks

1.1 Literatür Özeti

Süspansiyon kültürleri, hücrelerin sıvı ortam içerisinde serbestçe hareket edebildiği ve hücre çoğaltımı gerçekleştirilebilen sistemlerdir. Kolay ölçeklenebilir olması, kolay erişilebilir ve ucuz maliyetleri sebepleriyle özellikle biyoteknolojide ve endüstriyel seri üretimlerde sıklıkla tercih edilir [1]. Süspansiyon kültürleri, diğer katı kültür ortamlarından daha yüksek hücre yoğunluğuna erişebilir. Homojen besin dağılımı sayesinde istenen hücre ve komponent üretimleri adherent hücre kültürlerinden daha hızlı gerçekleşmektedir [2].

Hücrelerin hızlı ve verimli üremesi aynı zamanda kontaminasyon oluşturan organizmalar için de geçerlidir. Bu sebeple kontaminasyon riskleri diğer kültür ortamlarına göre daha yüksektir. Açık sistemler ve analizlerin gerçekleştirilmesi için örnek alma işlemlerinde insan kaynaklı kontaminasyonlar yüksek risk barındırmakta ayrıca hem maddi hem de zaman kaybına sebebiyet vermektedir [3].

Kontaminasyon riskleri ve kültür içerisindeki hücrelerin strese girmesini engellemek için bilgisayar görmesi tekniklerinin kullanılması önem kazanmıştır. Bilgisayar görmesi son yıllarda önem kazanmakta olan yapay zekanın alt dalıdır. Nesne tanıma, nesne sınıflandırma, nesne ve olay takibi gibi çeşitli alanlarda aktif olarak kullanılmakta ve geliştirilmeye devam edilmektedir. Fenotip tanımlanma, kimyasal reaksiyon fenotiplerinin tespiti, hücre davranışlarının tespiti ve hücre segmentasyonu gibi uygulama alanlarında yer edinmiştir [4].

Daha önceki çalışmalarda, RGB renk uzayı bilgisayar görmesinde nesne segmentasyonu için temel bir araç olarak kullanılmaktadır. Hücre kültürlerindeki renk değişimlerinin algılanması ve tespit edilmesi için RGB renk uzayı ve görüntü işleme teknikleri kullanılmıştır [5], [6].

1.2 Tezin Amacı

Yüksek verimli süspansiyon kültürleri biyoteknoloji, endüstri ve Ar-Ge alanlarında yoğun kullanım alanlarına sahiptir. Fakat süspansiyon kültürlerinde, özellikle kalite kontrolünün gerçekleştirilmesi için örnek alım sırasında hücreler strese girebilir ve fiziksel müdahaleler sonucunda kontamine olabilir. Bu tür risklerin ortadan kaldırılması amacıyla, süspansiyon kültürlerine herhangi bir müdahale gerçekleştirilmeden alınan görüntüler kullanılarak RGB renk uzay düzlemi temelli 3 boyutlu fenotip tanılama modellerinin geliştirilmesi amaçlanmıştır.

1.3 Hipotez

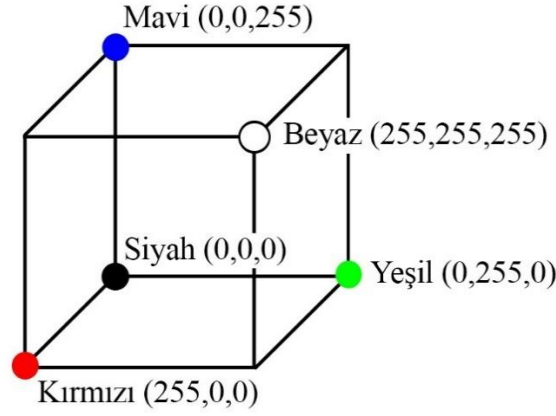
Süspansiyon kültürlerini standardize etmek endüstriyel ve Ar-Ge alanlarındaki kullanımları için zorunluluktur. Süspansiyon kültürleri vasıtasıyla üretilen bileşiklerin ve hücrelerin, kontaminasyon ve stres gibi dış kaynaklı risklerden korunması gerekmektedir. Bu çalışmada, süspansiyon kültürlerine dış müdahale yapmadan sadece süspansiyon kültürlerinin görüntüleri kullanılarak, RGB renk uzayında 3 boyutlu modellerin üretilmesi ve görüntüler üzerinde gerçekleştirilen çıkarımlar ile ölçüm verileri karşılaştırılarak modellerin gösterdikleri performanslar değerlendirilecektir.

2 GENEL BİLGİLER

2.1 RGB K p Uzay D zlemi

Erken d nem renk teorisyenleri, insan g r   n n kırmızı, ye il ve mavi olarak 3 temel renge dayandığını  ne s rerek RGB renk modelinin temelini attılar [7], [8]. Uluslararası Aydınlatma Komisyonu (CIE) tarafından geli tirilen CIE 1931 RGB renk uzayını 1931 yılında yayınladı [9]. RGB k p uzay d zlemi, her eksenin kırmızı, mavi ve ye il olan ana renklerden birine kar ılık geldiđi RGB renk uzayının geometrik bir temsili olarak tanıtıldı. Bu uygulamadan sonra bilgisayar grafikleri ve g r nt  i lemede temel haline geldi [10].

RGB renk modeli, kırmızı, mavi ve ye il renk yođunluklarının farklı oranlarda birle mesi ile olu an 3 boyutlu k bik renk sistematıđıdır. R = kırmızı, G = ye il ve B = mavi olmak  zere toplamda 3 renk kanalı bulundurur. Her renk kanalı, 8 bitlik sistemde 0 ile 255 arasında deđer alır. Bu sayede RGB renk modeli toplamda 16.777.216 farklı renk barındırır. (0,0,0): siyah, (255,0,0): kırmızı, (0,255,0): ye il, (0,0,255): mavi ve (255,255,255): beyaz rengi temsil eder ( ekil 2.1) [11]. RGB renk modeli, renkler arasındaki ili kilerin ve ge i lerin iyi anla ılmasında geometrik bir d zlem sađlar [11].



Şekil 2.1 RGB renk uzay düzlemi

2.1.1 Ortalama RGB Değeri Hesaplama

Bir görüntünün veya görüntüdeki seçili alandaki bütün piksellerin ortalamasının alınarak, seçili alanın rengini karakterize etmek için kullanılan basit ve etkili bir hesaplama biçimidir. Seçili alandaki piksellerin konumları gözetilmeden, her pikselin RGB değeri hesaplama eşit katkı sağlayarak katılır ve sonuç olarak tek bir RGB renk kodu ortaya çıkar. Ortalama RGB renk kodu (2.1) formülü yardımıyla hesaplanabilir. Ortalama RGB renk hesaplama yöntemi bilgisayar görmesinde ve görüntü işleme alanlarında kullanılır [11].

x_p = Yatay Düzlemde Bulunan Piksel Sayısı

y_p = Dikey Düzlemde Bulunan Piksel Sayısı

$x_p \times y_p = n$ (Toplam Piksel Sayısı)

$$\text{Ortalama RGB Değeri} = \left(\frac{\sum_{i=1}^n R_i}{n}, \frac{\sum_{i=1}^n G_i}{n}, \frac{\sum_{i=1}^n B_i}{n} \right) \quad (2.1)$$

2.2 Z-Skor (Standart Puan)

Bir verinin, bir veri kümesinin değerinin ortalamasından ne kadar farklı ve uzak olduğunu standart sapma hesaplaması ile ölçülen istatistiksel bir ölçüdür. Verileri standartlaştırmak, anormal verilerin tespiti, veri kümelerini birbirine göre karşılaştırmak için kullanılır. Z-skoru, bir değerin, karşılaştırılan veri kümesinin ortalamasından ne kadar standart sapma üstünde veya altında bulunduğunu gösterir [12]. Z-skoru, (2.2) formülü yardımıyla hesaplanabilir.

$$Z\text{-Skoru} = \frac{x - \mu}{\sigma} \quad (2.2)$$

x = Karşılaştırılacak veri

μ = Karşılaştırılan veri setinin ortalaması

σ = Veri setinin standart sapması

$Z\text{-Skoru} = 0$: Veri değeri ortalamaya eşittir

$Z\text{-Skoru} > 0$: Veri değeri ortalamadan üstündedir

$Z\text{-Skoru} < 0$: Veri değeri ortalamadan altındadır

2.3 Lineer ve Üstel Değişim Hesaplamaları

2.3.1 Lineer Değişim

Bir değer diğer değere doğru orantılı olarak değişimini tanımlamak ve hesaplamak için kullanılan formüldür. Değişim oranı sabit olan ilişkilerin modellenmesinde kullanılır [13]. Lineer değişim hesaplamaları (2.3) ve (2.4) formülleri kullanılarak hesaplanabilir.

$$y = mx + z \quad (2.3)$$

x = Bağımsız değişken

y = x değişkenine yanıt olarak değişen bağımlı değişken

m = Eğim

z = Sabit değer

$$k = \frac{y_1 - y_0}{t_1 - t_0} \quad (2.4)$$

k = Başlangıç ve bitiş zaman aralığındaki birim değişim miktarı

y_0 = Başlangıç değeri

y_1 = Son değer

t_0 = Başlangıç zamanı

t_1 = Bitiş zamanı

2.3.2 Üstel Değişim

Belirli zaman aralığında, başlangıç değerinden eksponansiyel(katlanarak) olarak değişim gösteren durumlardır. Değişimlerin eksponansiyel olduğu sistemleri

modellemek için kullanılır [14]. Üstel değişim hesaplamaları (2.5) ve (2.6) formülleri kullanılarak hesaplanabilir.

$$k = \frac{\ln(y_1/y_0)}{t_1 - t_0} \quad (2.5)$$

k = Başlangıç ve bitiş zaman aralığındaki değişim hızı

ln = log_e tabanında doğal logaritma

y₀ = Başlangıç değeri

y₁ = Son değer

t₀ = Başlangıç zamanı

t₁ = Bitiş zamanı

$$y = y_0 \times e^{kx} \quad (2.6)$$

x = Bağımsız değişken

y = x değişkenine yanıt olarak değişen bağımlı değişken

y₀ = (x = 0) anındaki başlangıç değeri

k = Değişim oranı sabiti

e = Euler sayısı

2.4 Kosinüs Benzerliği ve Ağırlıklı Skorlama

2.4.1 Kosinüs Benzerliği

Kosinüs benzerliğinin hesaplanması, iki vektörün birbirine olan benzerliklerini açıklamak için aralarındaki açıların kosinüsünü hesaplayarak ölçümün elde edilmesidir. Kosinüs benzerliği -1 ile +1 arasında değer alır. Kosinüs değeri 1'e yaklaştıkça vektörler arasındaki benzerlik artarken -1'e yaklaştıkça vektörler arasındaki zıtlık artar [15]. İki vektör arasındaki kosinüs benzerliğinin (2.7) formülü kullanılarak hesaplanabilir.

$$\text{Kosinüs Benzerliği} = \frac{A \cdot B}{\|A\| \cdot \|B\|} = \frac{\sum_{i=1}^n A_i B_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n A_i^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n B_i^2}} \quad (2.7)$$

$\|A\|$ = A vektörünün büyüklüğü

$\|B\|$ = B vektörünün büyüklüğü

$A \cdot B$ = A ve B vektörlerinin nokta çarpımı

$\sum_{i=1}^n A_i B_i$ = A ve B vektörlerinin girişlerinin çarpımlarının toplamı

$\sum_{i=1}^n A_i^2$ = A vektörünün bileşenlerinin karelerinin toplamı

$\sum_{i=1}^n B_i^2$ = B vektörünün bileşenlerinin karelerinin toplamı

2.4.2 Ağırlıklı Skorlama

Kosinüs benzerliği hesaplaması iki vektör arasındaki benzerliğin hesaplanması için vektörlerin boyutlarını hesaba katmadan sadece arasındaki açıyı temel alır [16]. Bu sebeple birbirinden farklı boyutta olan vektörler eşit benzerlik gösterebilir. Bu durumun engellenmesi ve birbirinden farklı boyutta olan vektörlerin ayrımının sağlanması için “Ağırlıklı Skorlama” yöntemi kullanılabilir. Ağırlıklı skorlama yöntemi hesaplanan kosinüs benzerliği değeri ile vektörün boyutlarının ayrı ayrı çarpımı ile hesaplanır, birbirinden farklı boyuttaki vektörler farklı puanlar alarak ayırım gerçekleştirilir [17]. Ağırlıklı skoru hesaplanması (2.8) formülü kullanılarak hesaplanabilir.

$$\text{Ağırlıklı Skor } (a) = d_1 \times \text{Cos}(\theta) \quad (2.8)$$

$$\text{Ağırlıklı Skor } (b) = d_2 \times \text{Cos}(\theta)$$

$\text{Cos}(\theta)$ = Kosinüs Benzerlik Değeri

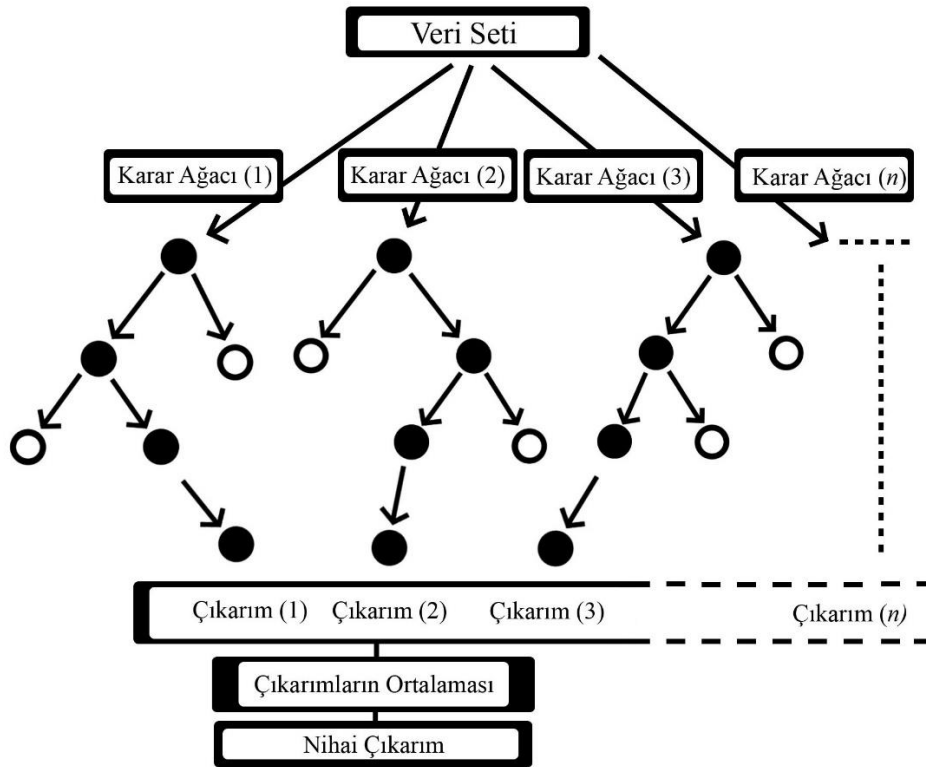
d_1 = a Vektörünün Boyutu

d_2 = b Vektörünün Boyutu

2.5 Rastgele Orman Regresyonu

Rastgele orman regresyonu, istenilen bir değeri tahmin etme amacının olduğu regresyon görevleri için kullanılan bir öğrenme yöntemidir. Tahmin doğruluğunu arttırmak ve anormal tahminleri azaltmak için birden fazla karar ağacını birleştiren rastgele orman algoritmasına dayanır. Eğitim verileri rastgele bir biçimde karar ağaçlarını eğitmek için alt kümelere bölünür. Her dallanmada alt kümelere bölünme

devam eder. Alt kümelerin içerisindeki verilerin korelasyonun azaltılması için, her alt kümeye bölünmede rastgele bölünme devam ettirilir. Alt kümelere bölünerek dallandırma sayısı minimum örnek sayısı ile belirlenir. Minimum örnek sayısına ulaşıldığında dallanma sonlanır. Ayrıca yeterli sayıda örnek olsa dahi, eğitilen modelin aşırı öğrenimini engellemek için karar ağaçları içerisinde dallanma (derinlik) sınırı da eklenebilir. Her ağaç kendi içerisinde seçilen modele göre öğrenme gerçekleşir ve çıkarım yapar. Bütün ağaçların yaptığı çıkarımların ortalaması, nihai çıkarım olarak adlandırılır (Şekil 2.2) [18].



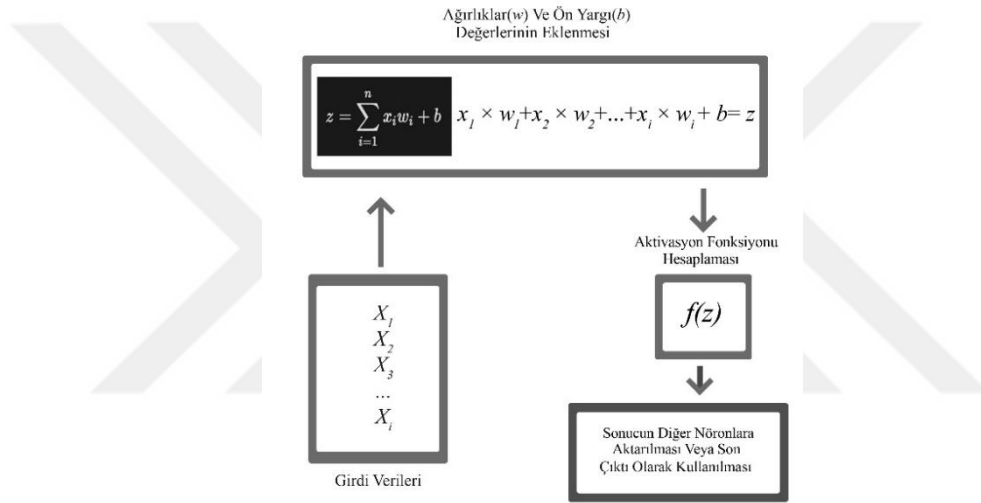
Şekil 2.2 Rastgele orman regresyonu şeması

2.6 Yapay Sinir Ağları ve Nöronlar

2.6.1 Yapay Nöronlar

Yapay nöron, yapay sinir ağının temel birimidir. Yapay nöronlar veri girdilerini alır, bunları işler ve ağdaki diğer nöronlara iletebilen bir çıktı üretir bu sayede biyolojik bir nöronun davranışını taklit etmeye çalışır. Yapay nöronlar veri girdisi, ağırlık, ön yargı ve aktivasyon fonksiyonu ile birlikte 4 temel komponentten oluşur [19]. Her yapay nöron, kendinden önceki katmandan veya kendisine direkt dışarıdan verileri girdi olarak alır ve girdi verileri çeşitli boyutlarda olabilir. Alınan

girdi verilerinin önemini belirlemek için her veri ağırlık ile çarpılarak hesaplanır, oluşturulan sinir ağı öğrenme sürecinde ağırlıkları optimize ederek girdi verilerinin etkisini belirler. Tüm girdi verileri ve ağırlıklar çarpılarak hesaplandıktan sonra toplanır, ardından önyargı eklenir. Önyargının eklenmesi sayesinde oluşturulan modelin çıktısının düzeltilmesine ve dengelenmesi sağlanır. Bu işlemlerin uygulanmasının ardından elde edilen tekil değer aktivasyon fonksiyonunda hesaplamaya tabi tutularak son çıktı elde edilir. Aktivasyon fonksiyonlarında yaygın olarak “Sigmoid”, “ReLU” ve “Softmax” fonksiyonları kullanılır. Son çıktı kendinden sonraki nörona aktarılabilir veya direkt tahmin sonucu olarak da kullanılabilir [19]. Şekil 2.3’te yapay nöronun çalışma şeması gösterilmiştir.



Şekil 2.3 Yapay nöronun çalışma şeması

2.6.1.1 Sigmoid Aktivasyon Fonksiyonu

Sigmoid fonksiyonu, ilk olarak 19. yüzyılda Pierre François Verhulst (1844) tarafından nüfus artışını modellemek için tanıtılan lojistik fonksiyonun özel bir durumudur [20]. Sigmoid aktivasyon fonksiyonu, sinir ağlarında genellikle ikili sınıflandırma görevlerinde yaygın olarak kullanılan bir fonksiyondur. Herhangi bir gerçek sayıyı 0 ile 1 arasındaki bir değere atayan, türevi alınabilir bir fonksiyondur. Sigmoid fonksiyon hesaplanması (2.9) formülü kullanılarak hesaplanabilir. Sigmoid fonksiyonu, her girdi değerini 0 ile 1 arasına sıkıştırması, gradyanların küçülmesine sebebiyet vermektedir. Bunun sonucunda yapay sinir ağında öğrenimi yavaşlatabilir veya tamamen durdurabilir [21].

$$\text{sig}(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (2.9)$$

x = Bağımsız değişken
e = Euler sayısı

2.6.1.2 ReLU (Rectified Linear Unit) Aktivasyon Fonksiyonu

ReLU aktivasyonu, biyolojik nöronlar örnek alınarak tasarlanmıştır. Aktivasyonun gerçekleşmesi için girdilerin belirli bir sınır değerini aşması gerekir, bu sınır aşıldıkça ReLU fonksiyonu çıktı olarak sürekli 0 değerini döndürür, bu sayede seyrek aktivasyon sağlanır. ReLU fonksiyon hesaplanması (2.10) formülü kullanılarak hesaplanabilir. Yapay sinir ağında kullanımı sırasında girdi verilerinin çoğunluğu negatif ise, fonksiyon çıktısının sürekli 0 değerini döndürmesini ve inaktif kalması, negatif ağırlıklar ile engellenebilir. Negatif ağırlıkların kullanımı veri kaybı ile sonuçlanabilir, bu kaybın engellenmesi için veri setine uygun ağırlık seçimi önemlidir [22].

$$\sigma(x) = \begin{cases} \max(0, x) & , x \geq 0 \\ 0 & , x < 0 \end{cases} \quad (2.10)$$

x = Bağımsız değişken

2.6.1.3 Softmax Aktivasyon Fonksiyonu

1989 yılında John S. Bridle tarafından gerçekleştirilen bir çalışma ile ortaya atılmıştır. Özellikler görüntü ve ses sınıflandırma, doğal dillerin öğrenimi ve sınıflandırılması gibi çeşitli derin öğrenme modellerinde sıklıkla kullanılır. Sinir ağlarının çıktı katmanında ve sınıflandırma amacıyla yaygın olarak kullanılır. Çıktı katmanında kullanılmasının temel amacı, çıktı katmanına ulaşan sayısal puanların olasılıklara dönüştürülmesidir. Softmax fonksiyonu, i sayıda gerçek değerli puan içeren vektörü giriş olarak alır. Bu vektörü olasılık dağılımına dönüştürür ve bütün olasılıkların toplamı 1'e eşittir. Bütün olasılıkların 1'e eşitlenmesi için normalizasyon işlemi uygulanır, bu normalizasyon işlemi sayesinde geçerli bir olasılık dağılımı oluşur [23].

Softmax fonksiyonunun ana dezavantajı, girdi verilerine üstel fonksiyon uygulanması verilerin aşırı fazla büyümesine ve sayısal taşmaya sebep olmasıdır. Sayısal taşmanın engellenmesi için genellikle, softmax fonksiyonunda işlemeyen önce tüm puanlarda, maksimum puan çıkarılır [24]. Softmax fonksiyonu ile olasılık dağılımı (2.11) formülü kullanılarak hesaplanabilir.

$$Softmax(x_i) = \frac{e^{x_i}}{\sum_{j=1}^N e^{x_j}} \quad (2.11)$$

x_i = Vektör içerisindeki eleman

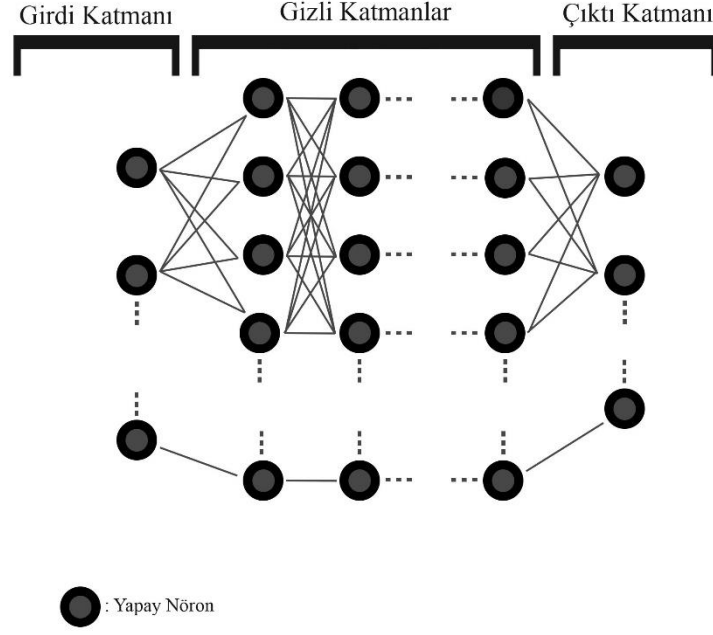
N = Vektör içerisindeki eleman sayısı

e^{x_i} = x_i 'nin üssel fonksiyonu

$\sum_{j=1}^N e^{x_j}$ = Tüm x üstel değerlerinin toplamı

2.6.2 Yapay Sinir Ağları

Yapay Sinir Ağları (YSA), insan beynindeki biyolojik sinir ağlarının yapısı ve işlevinden esinlenen hesaplamalı modellerdir. Verilerdeki karmaşık örüntüleri ve ilişkileri modellemek için makine öğreniminde kullanılırlar [25]. Genellikle temel olarak girdi, gizli ve çıktı katmanlarından oluşurlar. Girdi katmanı verilerin sinir ağına girdiği katmandır. Gizli katmanlar, girdi verileri üzerinde hesaplamaların gerçekleştirildiği ve özelliklerinin tespit edildiği katmandır. Bir veri setinin tamamının tekrar ederek öğrenme sayısı epoch sayısı ile belirlenir. Epoch sayısının az olması öğrenme oranını düşürebilir veya fazla olması yapay sinir ağlarının aşırı öğrenmesine sebep olabilir. Bu sebeple uygun öğrenme oran katsayısı seçilmesi gerekir. Çıktı katmanı ise son çıkarımın veya sınıflandırılmanın üretildiği katmandır [26]. Nöronlar birbirine bağlantı kurularak işlenen verilerin aktarımının sağlanması Şekil 2.4'te şematize edilmiştir.



Şekil 2.4 Yapay sinir ağlarının temsili gösterimi

2.7 Öklid Mesafesi

Öklid mesafesi, antik Yunan matematikçisi olan Öklid'den gelir. Öklid'in yazmış olduğu "Elementler" adlı eseri geometrinin temellerini atmıştır. Öklid mesafesi formülü Pisagor teoreminden türetilmiştir [27]. René Descartes tarafından 17. Yüzyılda Kartezyen koordinat sistemi tanıtıldı. Kartezyen koordinat sisteminin tanıtılması ile 3B uzay düzleminde ve daha yüksek boyutlarda Öklid mesafe formülünün kullanımı sağlandı [28]. 3B uzay düzleminde Öklid mesafesinin hesaplanması (2.12) formülü kullanılarak ve n boyutlu uzay düzleminde Öklid mesafesinin hesaplanması (2.13) formülü kullanılarak hesaplanabilir.

$$\text{Öklid Mesafesi} = \sqrt{(x_1 - x_2)^2 + (y_1 - y_2)^2 + (z_1 - z_2)^2} \quad (2.12)$$

$$\text{Koordinat}_1 = P_1(x_1, y_1, z_1)$$

$$\text{Koordinat}_2 = P_2(x_2, y_2, z_2)$$

$$\text{Öklid Mesafesi} = \sqrt{(p_1 - q_1)^2 + (p_2 - q_2)^2 + \dots + (p_n - q_n)^2} \quad (2.13)$$

$$\text{Öklid Mesafesi} = \sqrt{\sum_{i=1}^n (p_i - q_i)^2}$$

$$\text{Koordinat}_1 = P(p_1, p_2, \dots, p_n)$$

$$\text{Koordinat}_2 = Q(q_1, q_2, \dots, q_n)$$

n = Uzayın boyut sayısı

p_i, q_i = Birinci ve ikinci noktanın her boyuttaki koordinatları

2.8 Işık Yayılımı ve Parçacıklar ile Işık Etkileşimleri

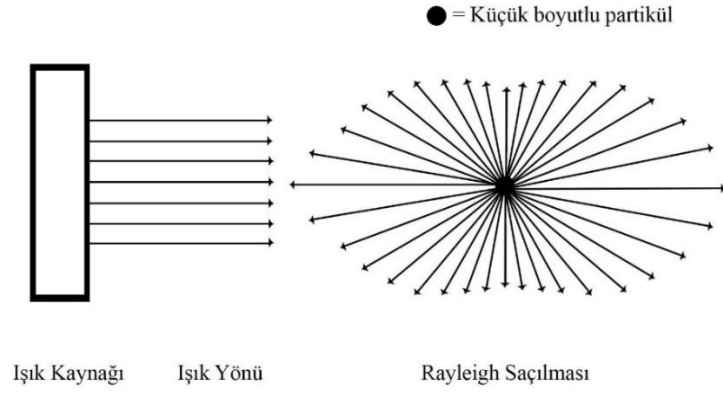
Işığın yayılımı, ışığın bir ortamda nasıl hareket ettiğini, nasıl davrandığını ve çevresindeki objeler ile nasıl etkileşime girdiğini tanımlayan fiziğin temel olgularından biridir. Işık, moleküller, toz, mikroorganizmalar gibi çarptığı objeler ile etkileşime girer. Etkileşim sonucunda yansıma, soğurulma ve kırılma olmak üzere 3 farklı olay meydana gelir [29].

Işık yansıması, ışığın etkileşime girdiği yüzeye bağlıdır. Yüzey düz ise, geliş açısı yansıma açısına eşit olacak şekilde ışık kırılarak yüzeyi terk eder. Yüzey pürüzlü ise dağınık yönlerde yansıma gerçekleşir. Soğurulma olayında, yüzey ışığı emer ve ısıya dönüştürür. Işık kırılmasında ise, ışık farklı yoğunluklardaki ortamlara giriş yaptığında yön değiştirir [30].

2.8.1 Mie ve Rayleigh Saçılmaları

2.8.1.1 Rayleigh Saçılması

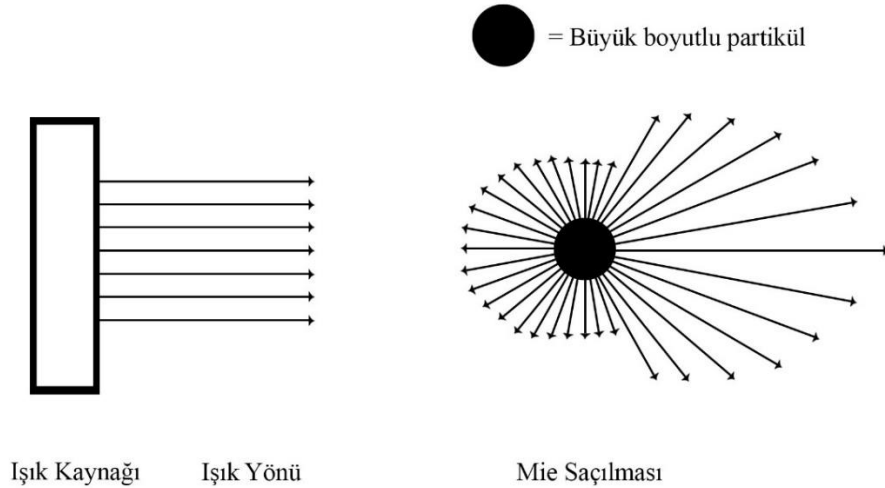
Işık ile etkileşime giren parçacıkların, ışığın dalga boyundan daha küçük boyutlu olduğunda meydana gelir (Şekil 2.5). Bu parçacıklara su molekülleri ve atmosferde bulunan gazlar örnek olarak gösterilebilir. Aynı zamanda Rayleigh saçılması, daha kısa dalga boylarındaki mavi ve mor ışığın daha fazla saçılmasından sorumludur [31].



Şekil 2.5 Rayleigh saçılması örnek gösterimi

2.8.1.2 Mie Saçılması

Işık ile etkileşime giren parçacıkların, ışığın dalga boyuna eşit veya daha büyük boyutlarda olması durumlarında gerçekleşir. Mie saçılımı genellikle büyük toz partiküllerinde, mikroorganizmalarda ve bulutlarda görülür (Şekil 2.6). Rayleigh saçılımından farklı olarak ışığın tüm dalga boylarını eşit bir biçimde yayar bu sebeple ışığın dalga boyu ile kuvvetli bir biçimde bağlantılı değildir. Mie saçılımında parçacıkların şekilleri, boyutları, kırılma indisleri rol oynaması sebebiyle formülasyonu karmaşıktır. Bu sebeple yüksek sayılı parametre içeren simülasyonlar içerisinde kullanılır ve çözümlenir [29].



Şekil 2.6 Mie saçılması örnek gösterimi

2.9 Python Yazılım Dili

Python dili üst seviyeli, yorumlanmış, basit ve genel amaçlı kullanılan nesne tabanlı programlama dilidir. Guido van Rossum tarafından geliştirilmeye başlanmış ve ilk olarak 1991 yılında resmi olarak yayınlanmıştır. Python dilinin öğrenimi ve kullanımı kolay olmasının yanında, kullan at kodlama için de uygundur [32]. İçerisinde bulunan çeşitli veri analizi kütüphanelerinin yanı sıra ayrıca, arayüz oluşturma, veri görselleştirme, makine öğrenimi, ağ tabanlı uygulamaların geliştirilmesi gibi birçok çeşit farklı alanlarda kütüphaneler de barındırmaktadır [33].

Veri analizi için Numpy, Pandas, Scikit-Learn, SciPy, OpenCV ve TensorFlow gibi çeşitli kütüphaneler yaygın olarak kullanılır [34], [35], [36], [37], [38], [39]. Veri görselleştirmeleri ve arayüz tasarımları için ise Plotly, Matplotlib, Tkinter, CustomTkinter, Seaborn ve Bokeh gibi çeşitli kütüphaneler kullanılmaktadır [40], [41], [42], [43].

2.10 Süspansiyon Kùltürleri

Süspansiyon kùltürleri, hücrelerin bir yüzeye tutunmadan, sıvı içerisinde serbestçe hareket ederek büyüdüğü ve çoğaldığı kùltürleme yöntemidir [3]. Bir yüzeye tutunma ihtiyacı olmayan hücre türleri için kullanılır. Lenfosit hücreleri, kök hücreler, mikrobiyal hücreler, bitki hücreleri, kanserleşmiş hücreler gibi çeşitli hücre türlerinde kullanımı sıklıkla tercih edilir [44].

Hücrelerin ihtiyacına göre temel besinler, uyarıcı hormonlar, çeşitli büyüme ve üreme indükleyicileri gibi temel bileşenlerin olması zorunludur. Süspansiyon kùltürlerindeki hücrelerin ortamdaki besinlere ve temel yapıtaşlarına uygun bir biçimde erişmesi için sürekli olarak uygun hızda çalkalanması gerekir. Aksi taktirde ortamdaki her hücre eşit bir biçimde besinlere ve temel yapıtaşlarına erişim sağlayamayabilir. Bunun sonucunda gelişim yavaşlayabilir veya tamamen durabilir [45].

Süspansiyon kùltürleri, yapışkan hücre kùltürlerine göre daha verimli ve hızlıdır. Hücreler, kùltür ortamında serbestçe hareket edebildikleri için tutarlı büyüme ve gelişme koşulları oluşur. Tutarlı büyüme ortamının oluşması sonucunda yüksek

hücre yoğunluğu gerçekleşebilir ve istenen hücreler ile bileşikler kolaylıkla hasat edilebilir veya alt kültürleme işlemi gerçekleştirilebilir [46].

Süspansiyon kültürlerinin çok çeşitli avantajlarının yanında çeşitli dezavantajları da bulunmaktadır. En temel dezavantajlar kontaminasyon riski, çalkalanma sırasında hücrelerin strese girmesi ve oksijenasyondur. Kontaminasyon risklerinin büyük olmasının en temel sebebi, ortamın sıvı olmasından dolayı dış ortamdan kültür ortamına giren yabancı mikroorganizmaların veya moleküllerin sıvı ortam içerisinde çok kısa sürelerde yayılması ve geri alınamamasıdır. Bu sebeple kültür ortamı oluşturulurken ve kültür ortamından madde alma işlemi veya madde ekleme işlemi gerçekleştirilirken ayrıca hassasiyet gösterilmesi gereklidir. Ayrıca hücrelerin sürekli olarak oksijen sağlanması gerekli olduğu durumlarda açık sistemler kullanılır. Açık sistemler kapalı sistemlere göre daha fazla kontaminasyon riski barındırırlar. Bu zorluklara ve risklere rağmen süspansiyon kültürlerinin verimliliğinin yüksek olması sebebiyle endüstriyel biyoteknoloji, kanser araştırmaları, aşı geliştirmeleri gibi çeşitli alanlarda geniş bir kullanıma sahiptir [3].

2.10.1 *Medicago sativa*

Genel olarak yonca olarak bilinen *Medicago sativa*, baklagiller ailesinden olan çok yıllık ve çiçekli bir bitki türüdür. Yüksek besin içeriği, büyüme ve gelişme hızının yüksek olması, farklı iklimlere uyum sağlama yeteneği ve azot fiksasyonunda önemli rol oynaması sebebiyle yaygın olarak yetiştirilir. Yaygın olarak yetiştirilmesi sebebiyle küresel olarak ekonomik açıdan önemli bir yem bitkisidir. *M.sativa*, son yıllarda biyoteknoloji ve endüstri alanında yoğun ilgi görmektedir. Genetik çalışmalarındaki işlevselliği ve rekombinant protein üretiminde önemli bir yere sahiptir. Örnek olarak, gıda ve tekstil endüstrilerinde yoğunca kullanılan alfa-amilaz enziminin üretimi *M.sativa* ile gerçekleştirilebilmektedir [47]. Yüksek biyokütle verimi sayesinde sıklıkla tercih sebebidir. Yüksek biyokütle veriminin yanı sıra yüksek selüloz ve hemiselüloz içeriği sebebiyle biyoyakıt üretiminde de hammadde olarak araştırılmaktadır [48].

Hayvan yemi kullanımının geliştirilmesi için genetik mühendisliği ile besin geliştirme işlemlerine de tabi tutulmuştur. Bu geliştirme ile barındırdığı E vitamini ve barındırdığı amino asit miktarlarını arttırılması amaçlanmıştır [49]. Bununla birlikte sürdürülebilir tarım için tuzluluk, kuraklık ve ağır metal streslerine karşı

arařtırmalar devam etmektedir. Bu arařtırmalar ile ürün verimliliğini ve dayanıklılığını arttırmayı amaçlamaktadır [50].

Ayrıca *M.sativa*, fitoremediasyon işlemleri için de geliřtirmelere tabi tutulmuřtur. Kirlenmiř topraklardan ağır metalleri ve aktif kirleticileri uzaklařtırmak için derin kök sistemi kullanılmıř ve çevre temizlięi için uygun bir araç olabileceęi düşünölmektedir [51].

2.10.2 *Escherichia coli*

Biyoteknoloji ve genetik arařtırmalarında yaygın olarak kullanılan organizmalardan biridir. Hızlı büyüme ve çoęalma, ucuz üretim maaliyeti, genetięinin basit ve son derece anlaşılır olması, kolay manipöle edilebilir olması sayesinde rekombinant protein üretiminde ve sentetik moleköler biyoloji uygulamaları için ideal bir model organizma ve konakçıdır [52].

Çeřitli suřların genetięinin çözömlenmesi ve yüksek protein verimi sayesinde biyoteknoloji alanında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bunun başlıca örneęi 1982 yılında, ilk rekombinant insölin üretimi için kullanılmıř olmasıdır. Bu gelişme ile diyabet hastalarının tedavisinde dönüm noktası olarak kabul edilir [52]. Ayrıca *E.coli*, antemisinik asit üretmek üzere tekrardan tasarlanmıřtır [53].

Protein üretimlerine ek olarak moleköler klonlama alanında da yaygın olarak kullanılmaktadır. DNA parçalarını plazmitlere aktarmak için temel konak olarak işlev görür. Bu sayede gen klonlama, DNA dizileme çalışmaları, DNA onarım mekanizmaları ve mutasyonların incelenmesi gibi çalışmaların gerçekleştirilebilmesi sağlanabilmektedir. Örnek olarak *E.coli* 2013 yılında, CRISPR/Cas9 teknolojisini optimize etmek ve geliştirme çalışmalarını yürötmek için kullanıldı [54].

2.10.3 *Agrobacterium tumefaciens*

Agrobacterium tumefaciens, farklı dikotiledon bitki türlerini enfekte etme ve taç ur tümörü geliřtirme yeteneęine sahip, toprak kaynaklı ve gram negatif bakteri olan bir bitki patojenidir. *A.tumefaciens*, Ti plazmidindeki transfer DNA'sını bitki genomuna aktarma yeteneęine sahiptir. Bu mekanizma sebebiyle, biyoteknoloji alanında ticari kullanımının kullanımın sağlanması için arařtırmalar yoğunlařmıřtır [55].

A.tumefaciens'ın biyoteknolojik uygulamaları arasında herbisit ve böcek dirençli bitkiler, kuraklık toleransı, rekombinant proteinlerin üretimi, ilaçlar, biyoyakıtlar ve aşılarda üretimi gibi çeşitli uygulamaları barındırır [56], [57], [58].

2.10.4 *Fusarium oxysporum*

Bitki patojeni olarak bilinen *Fusarium oxysporum* çeşitli bitkilerde solgunluk hastalığına sebep olan bir mantar türüdür. *F.oxysporum*, hem patojenik hem de patojenik olmayan suşları bulunur. Patojenik olan suşlar, bitkilerin ksilem dokularını bozarak, vasküler solgunluğa yol açmaktadır. 100'den fazla bitki türünü enfekte edebilmesi sebebiyle ekonomik olarak tarım ürünlerine zarar verir. Fakat zararlarına karşın, yüksek metabolik aktivite yetenekleri sayesinde çeşitli biyoteknolojik alanlarda kullanılmaktadır [59].

Patojenik olmayan suşların kullanımının biyoteknoloji alanında kullanımı ile birlikte patojenik olan suşların baskılanması sağlanmaktadır. Örnek olarak Patojenik olmayan *F.oxysporum* suşları, muz ve domates bitkilerinde solgunluğu kontrol etmek için kullanılmıştır [59]. Ayrıca endüstriyel uygulamalarda kullanılan çeşitli enzimleri de yüksek verimde üretebilmektedir. 2011 yılında tarımsal atıkların yüksek verimde biyoyakıt üretimi için kullanılmıştır [60]. *F.oxysporum*, çevre kirliliğinin önlenmesi için de umut vaat etmektedir. 2014 yılında, toprakta bulunan kadminyum ve kurşun ağır metallerini uzaklaştırmak için de araştırma gerçekleştirilmiş ve potansiyeli gösterilmiştir [61].

3

MATERYAL VE METOT

3.1 Materyal

Çalışmada kullanılan *M.sativa Verc* çeşidine ait tohumlar ile *E.coli Origami*, *A.tumefaciens* GV3101 ve *F.oxysporum* suşları Yıldız Teknik Üniversitesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümünden temin edilmiştir. Kullanılan materyaller (Tablo 3.1) ile alet ve malzemeler (Tablo 3.2) aşağıdaki tablolarda belirtilmektedir.

3.1.1 Kullanılan Materyaller

Tablo 3.1 Çalışmalarda kullanılan materyaller

Kimyasal Malzeme Adı	Üretici Firma ve Ülkesi
Agar	Duchefa, Hollanda
2,4-D (2,4- diklorofenoksiasetik asit)	Duchefa, Hollanda
Kinetin	Duchefa, Hollanda
Murashige ve Skoog besiyeri (MS)	Duchefa, Hollanda
Sükroz	Duchefa, Hollanda
LB Broth (MILLER) Sıvı Besiyeri	Merck KGaA, Almanya
Gibco Tripan Mavis Solüsyonu (%0.4)	Thermo Fisher Scientific, ABD

3.1.2 Kullanılan Alet ve Malzemeler

Tablo 3.2 Çalışmalarda kullanılan cihazlar ve aletler

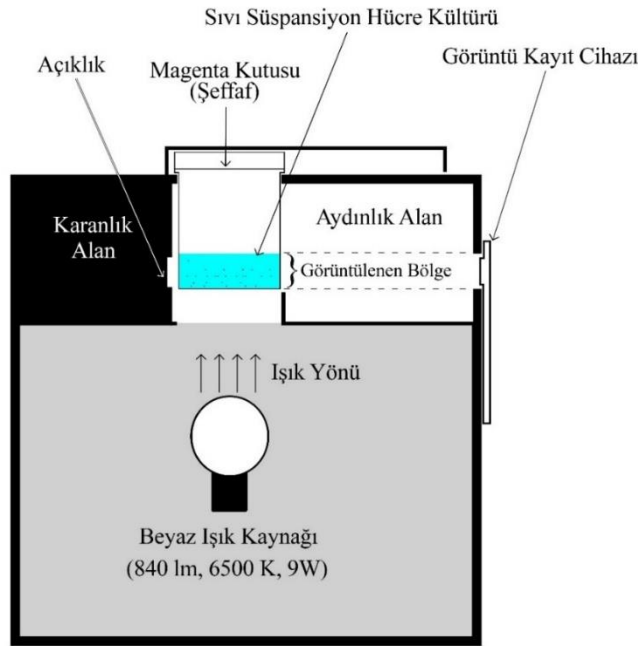
Cihaz/Malzeme Adı	Üretici Firma ve Ülkesi
DLAB MS-H380-Pro Manyetik Karıştırıcı	DLAB Scientific, Çin
HI 2211 pH/ORP metre	Hanna Instruments, Amerika Birleşik Devletleri
AS 220.R2 Hassas Terazî	RADWAG Balances & Scales, Polonya
SANYO MLR-351H İklimlendirme kabini	SANYO, Japan
Hedlab X-Bio Class II, Steril kabin	Hedlab, Türkiye
Arium Pro Ultra Saf Su Sistemi	Sartorius, Almanya
Allegra X-30R Soğutmalı Santrifüj	Beckman Coulter, Amerika Birleşik Devletleri
ISOLAB 622.01.001 Vortex Karıştırıcı	ISOLAB GmbH, Almanya
Xiaomi mi 11T Cep Telefonu	Xiaomi, Çin
Inflame 9W A60 LED Ampul	Inflame, Türkiye
Isolab 20-200 µL Enjektör	ISOLAB GmbH, Almanya
Isolab 0.5-10 µL Enjektör	ISOLAB GmbH, Almanya
Labomed Lx 400 Mikroskop	Labomed, Amerika Birleşik Devletleri
NB-T101M Orbital Karıştırıcı	N-BIOTEK, Güney Kore
BINDER FD 56 Fanlı Etüv	BINDER GmbHAlmanya
Thermo Scientific GENESYS 180 UV-Visible Spektrofotometre	Thermo Fisher Scientific, Amerika Birleşik Devletleri

3.2 Metot

3.2.1 Görüntülerin Alınması İçin Kayıt Ortamının Oluşturulması

Görüntülerin alınması ve dış ortamdan genel ışığı engellenmesi için kapalı kutu düzeneği tasarlandı. Dış ortamdan gelen ışığın engellenmesinin yanında görüntüler alınırken sabit kayıt parametreleri kullanıldı. Görüntüler kaydedilirken, beyaz dengesi değeri 5200'e, ISO değeri 50'ye, diyafram açıklığı değeri 1.75'e, lens odak uzunluğu 5.96'ya ve deklanşör hız değeri 1/80'e ayarlandı ve bütün görüntüler bu ayarlarda aynı kayıt cihazı ile kayıt edilmesi için sabitlendi. Işık kaynağı olarak 6500K, 8400lm değerinde, 9W gücünde, 60 × 108mm boyutunda ve ışık açısı 220° değerinde olan ev tipi LED ampul kullanıldı.

Karanlık alan, kare magenta kutusu boyutundaki karton kutunun içinin siyah kumaş ile kaplanması ile elde edildi. Taranacak alan boyutundaki bölge, süspansiyon kültürüne hizalanacak şekilde kesilerek açıklık oluşturuldu. Kayıt ortamının ayrıntılı tasarımı Şekil 3.1'de ve Şekil 3.2'de fotoğrafları gösterilmektedir.



Şekil 3.1 Kayıt ortamının tasarımı



Şekil 3.2 Kayıt ortamının görüntüleri. a) Kayıt ortamının yan görüntüsü, b) Kayıt ortamının ön görüntüsü, c) Kayıt ortamının arka görüntüsü, d) Kayıt ortamının iç görüntüsü

3.2.2 Görüntü ve Ölçüm Veri Seti Yapılarının Oluşturulması

Elde edilen görüntüler, her bir magenta için ayrı bir klasör altında toplandı. Toplanan görüntüler sayılar ile isimlendirilerek sıralandı. Klasör altında toplanan görüntüler ile aynı konuma “veriler.xlsx” adında bir excel dosyası oluşturuldu. Elde edilen ölçüm verileri excel dosyasına işlendi. Veriler, excel dosyasına girilirken 1. Satır etiket ismi, etiket isminin bulunduğu sütun ise ölçüm verilerinin girilmesi için kullanıldı.

Her görüntünün sıra numarası ile excel dosyasındaki (sıra numarası + 1) değerine denk gelecek şekilde sıralandı ve oluşturulan sıra zaman çizgisi olarak kullanıldı. Görüntü için ölçüm verisi yoksa denk gelen satır boş bırakıldı. Her kolon ayrı ölçüm

veri setlerini temsil etmesi ile birlikte birbirinden bağımsız olarak girildi. Bu sayede eğitimlerin gerçekleştirilmesi sırasında kolonların birbirini etkilemesi engellendi. Excel dosyasının örnek görüntüsü Şekil 3.3'te gösterilmiştir.

	1. Ölçüm Veri Seti	2. Ölçüm Veri Seti	...	m. Ölçüm Veri Seti
	A	B	C	D
1. Görüntü	Ölçüm Etiket 1	Ölçüm Etiket 2	...	
2. Görüntü	1. Ölçüm	1. Ölçüm		
3. Görüntü				
4. Görüntü				
5. Görüntü				
6. Görüntü				
7. Görüntü	2. Ölçüm	2. Ölçüm		
8. Görüntü				
9. Görüntü				
10. Görüntü				
...				
n. Görüntü	3. Ölçüm	3. Ölçüm		
	.	.		
	.	.		
	.	.		
	.	.		

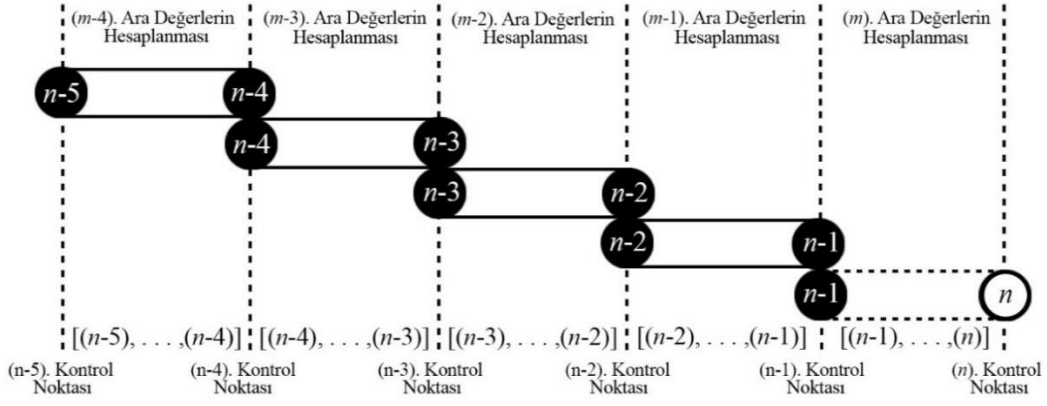
Şekil 3.3 Ölçüm veri seti yapısı

3.2.3 Eğitim Algoritmasının Oluşturulması

Görüntüler, kontrol noktaları olarak kullanıldı. Her görüntünün ortalama RGB renk hesaplaması gerçekleştirildi ve iki görüntü arasındaki en kısa mesafe hesaplanarak, bu yol üzerindeki koordinatlar hesaplandı. Hesaplamanın ardından oluşturulan farklı bir excel dosyasına zaman çizgisi dahilinde yazıldı.

3.2.3.1 Ölçüm Verilerinin Ara Değerlerin Hesaplanması ve Model Excel Dosyasına Eklenmesi

Ara RGB koordinatlarının model excel dosyasına yazılması ve toplam model boyutunun belirlenmesinin ardından, ölçüm verileri görüntüler ile aynı satıra gelecek şekilde eklendi. Bu eklemenin ardından ara değerlerin hesaplanması için 4 farklı hesaplama yöntemi kullanıldı. Ara tahminlerin değeri için lineer artış ve azalış hesaplaması, üstel artış ve azalış hesaplaması, lineer ile üstel artış ve azalış hesaplamalarının beraber uygulanması ve verilerin genişletilmesi yöntemleri kullanıldı. Kontrol noktası olarak kullanılan her görüntü ve ölçüm verisi, kendinden sonraki kontrol noktası ile eşlendi ve ara değer tahminleri iki kontrol noktası arasında gerçekleştirildi (Şekil 3.4).



m = Hesaplanan ara değerlerin sayısı

n = Kontrol noktası sayısı

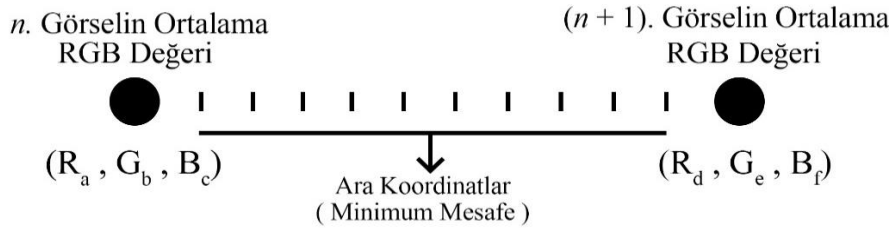
Şekil 3.4 Ara değer hesaplamalarının şeması

3.2.3.2 Artış ve Azalış Hesaplamaları

Artış ve azalış hesaplamalarında iki kontrol noktası arasındaki artış-azalış miktarı lineer artış ve azalış hesaplaması, üstel artış ve azalış hesaplaması, lineer ile üstel artış ve azalış hesaplamalarının beraber uygulanması ve kontrol noktalarının genişletilmesi ile ara koordinatlara dağıtıldı. Dağıtılma işlemi n . kontrol noktasının değerine artış-azalış miktarı eklenerek $(n + 1)$. kontrol noktasına ulaşana kadar devam eder, $(n + 1)$. kontrol noktasına ulaşıldığında sonraki kontrol noktaları için hesaplama tekrarlanarak yeni artış-azalış miktarı belirlenir. Her iki kontrol noktası arasındaki değerler birbirinden bağımsız olarak hesaplandı (Şekil 3.5).

$x_n = n$. Ölçüm Verisi

$x_{n+1} = (n+1)$. Ölçüm Verisi

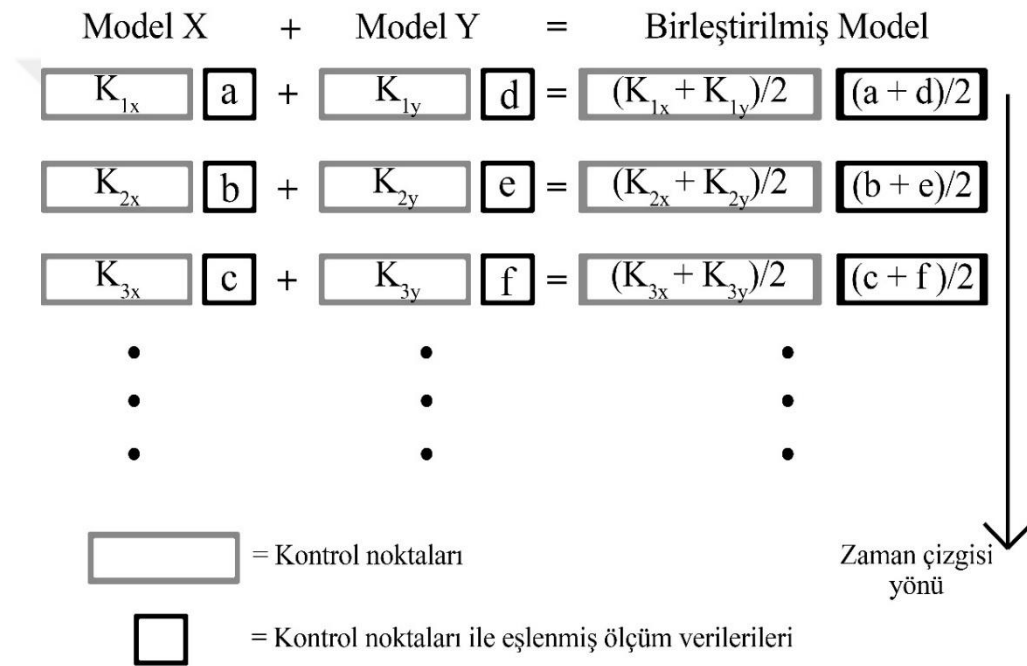


Şekil 3.5 İki kontrol noktası arasında artış-azalış hesaplamalarının şeması

3.2.3.3 Eğitilen Modellerin Birleştirilmesi ve Ara Değerlerin Tekrar Hesaplanması

- **Eğitilen Modellerin Zaman Uyumlu Gözetilerek Birleştirilmesi**

Eğitilen modeller, zaman uyumunda birleştirilebilmesi için eşit miktarda görüntü içermeli ve süspansiyon kültürlerinin başlangıç noktası aynı koşullarda olması gereklidir. Birleştirilen modellerin kontrol noktalarının benzerliğine bakılmaksızın sadece zaman çizgisi ile kontrol noktalarının Z-skoru baz alınarak aritmetik ortalaması alındı. Kontrol noktaları birleştirildikten sonra ara değerler tekrardan hesaplandı (Şekil 3.6).

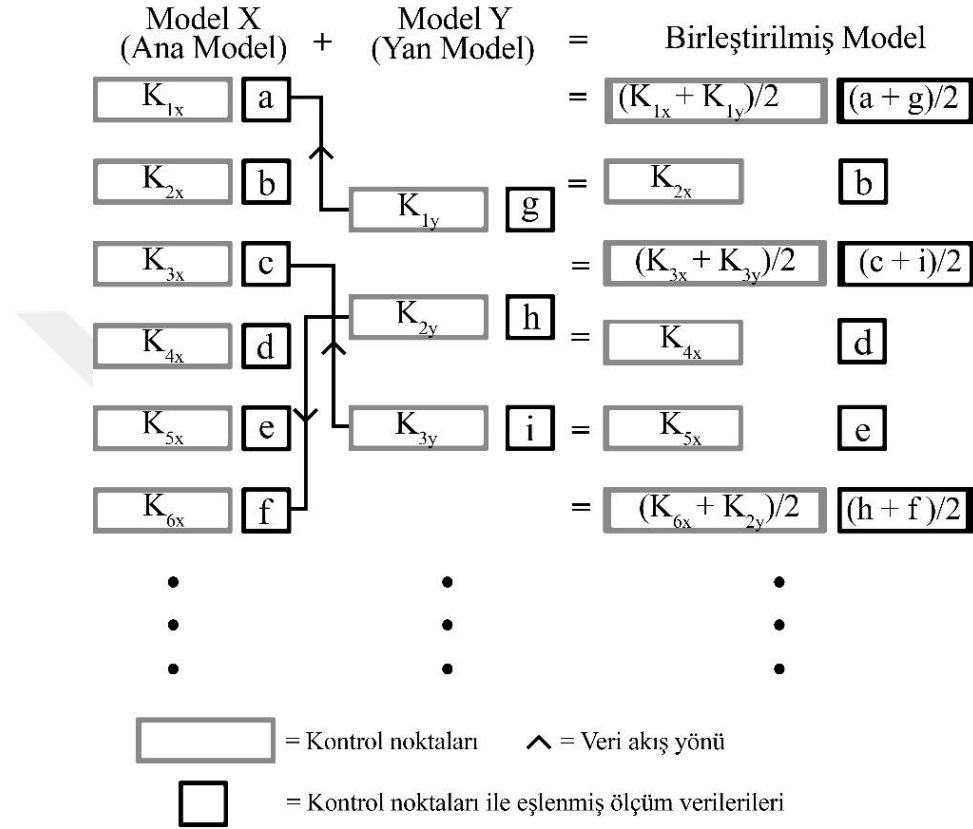


Şekil 3.6 Örnek olarak, bir ölçüm veri setine sahip iki modelin zaman uyumu ile birleştirilmesi

- **Eğitilen Modellerin Zaman Uyumlu Gözetilmeden Birleştirilmesi**

Eğitilen modellerin zaman uyumu gözetilmeden birleştirilmesi için ayrı bir algoritma tasarlandı. Bu algorithmada eşit kontrol noktasına sahip olamayan modellerin birleştirilmesi amaçlandı. Ana model ve yan modeller zaman çizgisine bağlı olmaksızın en fazla benzerlik gösteren kontrol noktaları birleştirilir. Veri akışı tek yönlü ve yan modellerden ana modele doğru aktarılacak şekilde tasarlandı. En yakın koordinatlar ve ölçüm verilerin birleştirilirken aritmetik ortalamaları alınarak birleştirilir. Güncellenen kontrol noktaları ve ölçüm verileri farklı bir modele yazılır

ve ara değerlerin hesaplanması tekrarlanır (Şekil 3.7). Model birleştirmeden önce mesafe eşiği seçeneği eklendi, bu eşik ile model üzerinde en yakın kontrol noktası bulunsu bile benzerlik göstermeyen değerlerin birleştirilip hatalı modelin oluşturulmaması amaçlandı.



Şekil 3.7 Örnek olarak, bir ölçüm veri setine sahip iki modelin zaman uyumu gözetilmeden birleştirilmesi

3.2.4 Çıkarım Algoritmalarının Oluşturulması

3.2.4.1 Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Temelli Çıkarım Algoritmasının Oluşturulması

Bu çıkarım algoritması, eğitilen model excel dosyasının kullanılması amacıyla tasarlandı. Çıkarım görüntüsünün ortalama RGB değeri alındı ve eğitilen model üzerindeki en yakın koordinata eşlendi. En yakın koordinat bulunmasının ardından sayısal veriler (a ve b) için ağırlıklı skorlama ile yüzdelik olarak benzerlik değeri (3.1) hesaplaması kullanılarak gerçekleştirildi. Çıkarım görüntüsü ile benzerlik gösteren koordinat arasındaki yüzdelik benzeşme değer kümesi (3.2) hesaplaması kullanılarak gerçekleştirildi ve çıkarım kümesi olarak tanımlandı. Bu sayede

kullanıcıya tek bir tahmin değeri yerine, tahmin değer kümesi sunulması amaçlandı. Metinsel veriler için ise ağırlıklı skorlama ile yüzdelik olarak benzerlik hesaplaması gerçekleştirildi ve ek olarak farklı işlem eklenmedi.

$$\text{Ağırlıklı Skor (a)} \geq \text{Ağırlıklı Skor (b)}$$

$$\text{Benzerlik Oranı(\%)} = \frac{\text{Ağırlıklı Skor (b)}}{\text{Ağırlıklı Skor (a)}} \times 100 \quad (3.1)$$

$$\begin{aligned} \text{ÇKB}_0 &= B_0 \times K_v \\ \text{ÇKB}_1 &= [(1 - B_0) \times K_v] + K_v \end{aligned} \quad (3.2)$$

$$\text{Çıkarım Kümesi} = \{ \text{ÇKB}_0, \text{ÇKB}_1 \}$$

K_v = Koordinatın Sayısal Ölçüm Veri Değeri

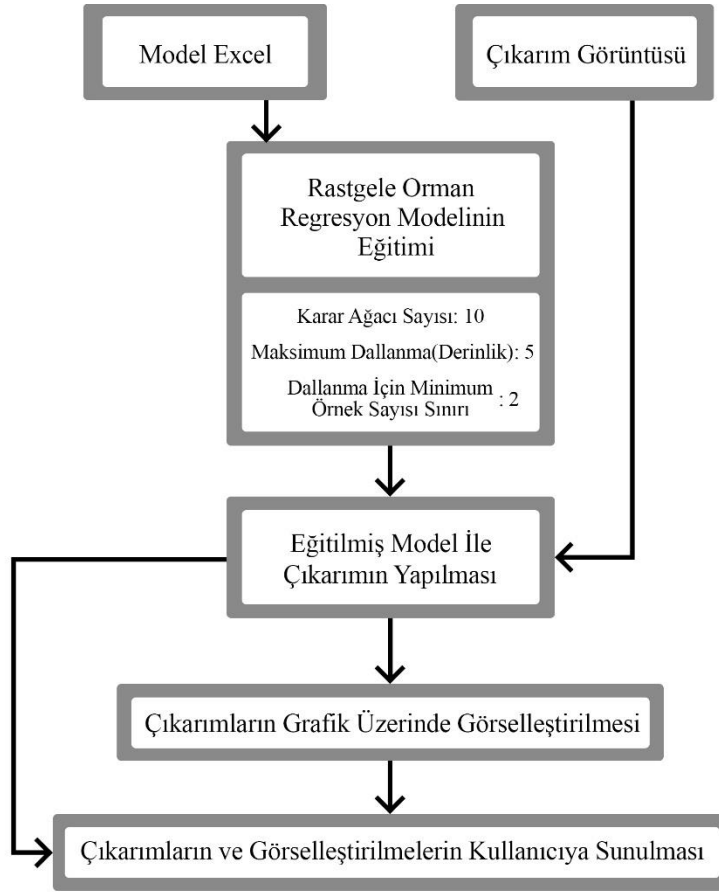
ÇKB_0 = Çıkarım Kümesi Başlangıç Değeri

ÇKB_1 = Çıkarım Kümesi Bitiş Değeri

B_0 = Benzerlik Oranı(%)

3.2.4.2 Rastgele Orman Regresyon Modeli ile Sayısal Ölçüm Verilerinin Çıkarımı

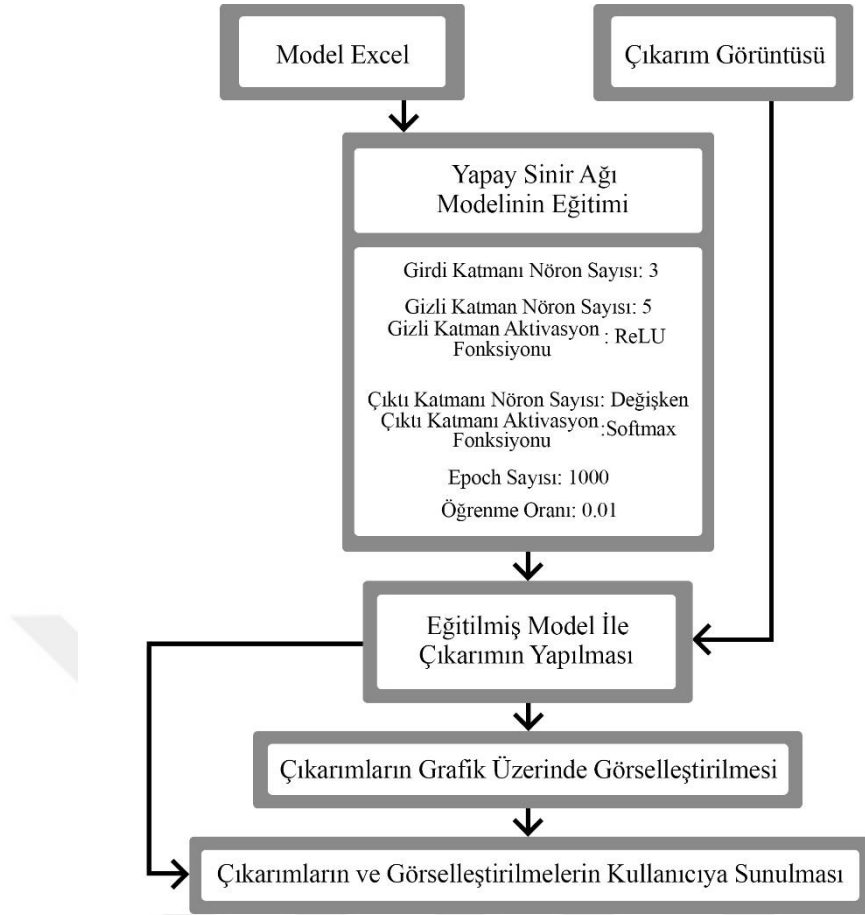
Sayısal ölçüm verilerinin çıkarımı için 10 adet karar ağacı ile rastgele orman regresyon modeli oluşturuldu, minimum örnek sayısı 2 olarak ve maksimum dallanma (derinlik) 5 olarak belirlendi. Rastgele orman regresyon modelinin eğitimi için veri kaynağı olarak, model excel dosyası içerisindeki sayısal örnek verileri kullanıldı ve çıkarım görüntüsünün ortalama RGB değeri ile çıkarım gerçekleştirildi. Veri boyutlarının küçük olması sebebiyle eğitilen rastgele orman regresyon modeli kayıt edilmedi. Rastgele regresyon modelinin eğitim ve çıkarım aşamaları Şekil 3.8’de şematize edilmiştir.



Şekil 3.8 Rastgele orman regresyon modeli ile çıkarım şeması

3.2.4.3 Yapay Sinir Ağları ile Metinsel Ölçüm Verilerinin Çıkarımı

Girdi katman boyutu 3 gizli katman boyutu 5 nörondan oluşacak şekilde belirlendi. Çıktı katmanı ise ölçüm veri etiket sayısı kadar olacak şekilde değişken sayıda tutuldu. Epoch sayısı 1000 ve aşırı öğrenmeyi engellemek için öğrenme oranı 0.01 olarak belirlendi. Gizli katmanların aktivasyon fonksiyonu olarak ReLU ve metinsel ölçüm verilerinin sınıflandırılması için çıktı katmanının aktivasyon fonksiyonu Softmax fonksiyonu seçildi. Yapay sinir ağı modelinin eğitimi için veri kaynağı olarak, model excel dosyası içerisindeki metinsel ölçüm verileri kullanıldı ve çıkarım görüntüsünün ortalama RGB değeri ile çıkarım gerçekleştirildi. Veri boyutlarının küçük boyutlu olması sebebiyle yapay sinir ağı modeli kayıt edilmedi ve çıkarım, eğitimden sonra birleşik olarak gerçekleştirildi. Yapay sinir ağlarının eğitim ve çıkarım aşamaları Şekil 3.9’da şematize edilmiştir.



Şekil 3.9 Yapay sinir ağı modeli ile çıkarım şeması

3.2.5 Model Karşılaştırmaları için 3 Boyutlu Haritalama Ortamının Oluşturulması

Modellerin davranışlarının ve içerdiği ölçüm verilerinin birbirleri ile olan benzerlikleri ve farklılıkları bütünsel karşılaştırılması için 3 boyutlu haritalama yöntemi kullanılarak görselleştirildi. 3 boyutlu harita etkileşime girilebilir bir biçimde tasarlandı ve ölçüm verileri, koordinatlar üzerine işlendi. Her model rastgele bir renk ile etiketlenerek, modellerin ayrımı görsel olarak sağlandı.

3.2.6 Algoritmaların Python ile Kodlanması ve Arayüzün Oluşturulması

Geliştirilen ve uygulanan bütün algoritmalar ve arka plan işlemleri, Python 3.10 sürümü üzerinde kodlandı. Veri girdilerinin alınması ve çıktıların kullanıcıya aktarılması için etkileşimli arayüz tasarlandı. Arayüz, CustomTkinter (5.2.2) kütüphanesi ile geliştirildi.

Arayüze, çıkarım ve eğitim pencereleri yerleştirildi. Eğitim penceresinde excel modelinin eğitimi için geliştirilen algoritma entegre edildi. Ayrıca model eğitimi

için kullanılacak görüntülerdeki uygun kısımların taranması için kırpma aracı, ölçüm verilerinin kullanıcıya gösterimi, eğitilecek modelin isim girişi, ara değerlerin hesaplama seçeneğinin alınması için seçenek kutusu ve daha öncesindeki eğitilmiş excel modellerinin birleştirme seçeneği eklendi. Eğitim penceresine ayrıca detaylı bir yönerge eklenerek, model eğitimi detaylıca açıklandı.

Çıkarım penceresi, çıkarımların gerçekleştirilmesini kolaylaştırmak için birden fazla görüntüyü, birden fazla model üzerinde çıkarım gerçekleştirilebilecek şekilde geliştirildi. Çıkarımların görselleştirilmesinde Matplotlib (3.9.2) kütüphanesi kullanıldı. Modellerin 3 boyutlu karşılaştırma ortamı, Plotly (6.0.0) kütüphanesi ile geliştirildi ve çıkarım ekranına eklendi. Görselleştirilmiş çıkarım sonuçlarının yanında, saf çıkarım sonuçları da arayüze eklendi. Ayrıca detaylı bir yönerge eklenerek, çıkarımlar ve model karşılaştırılma işlemleri detaylıca açıklandı.

3.2.7 *M.sativa* Süspansiyon Kültürlerinin Oluşturulması

3.2.7.1 Tohumların Sterilizasyonu ve Çimlendirme

Steril sürgünleri üretmek için, *M.sativa* tohumları %20 yoğunluğunda ve içeriğinde %5'lik sodyum hipoklorit bulunan ticari çamaşır suyunda, metal süzgeç yardımı ile 20 dakika boyunca manyetik karıştırıcıda karıştırıldı. Ardından tohumlar 3 kez 3'er dakika boyunca steril distile suya maruz bırakılarak çamaşır suyundan arındırıldı.

3 adet magentaya 30 ml, 30 g/l süzkroz ve 8g/l agar içeren Murashige ve Skoog (1962)'de geliştirdiği MS besin ortamı hazırlanarak ayrı ayrı eklendi [62]. Ekleme sonrasında magentaların pH değerleri 5.8'e ayarlandı ve sterilizasyon işlemi için 121 °C'de 20 dakika boyunca 1.2 atmosfer basınca maruz bırakıldı. Sterilizasyonun ardından magentalar, 25 °C oda sıcaklığında ağzı kapalı bir şekilde soğutuldu.

Sterilizasyon işlemi tamamlanmasının ardından tohumlar, her steril magenta için 15-20 tohum olacak bir biçimde MS temel besiyeri bulunan magentalara rastgele bir biçimde ekildi. Ekim işleminin ardından kültürler iklimlendirme kabiniinde, 26 °C'de karanlık ortamda inkübe edildi (Şekil 3.10).



Şekil 3.10 14 gün boyunca inkübe edilen *M.sativa* tohumları

3.2.7.2 Kallus Kültürlerinin Oluşturulması

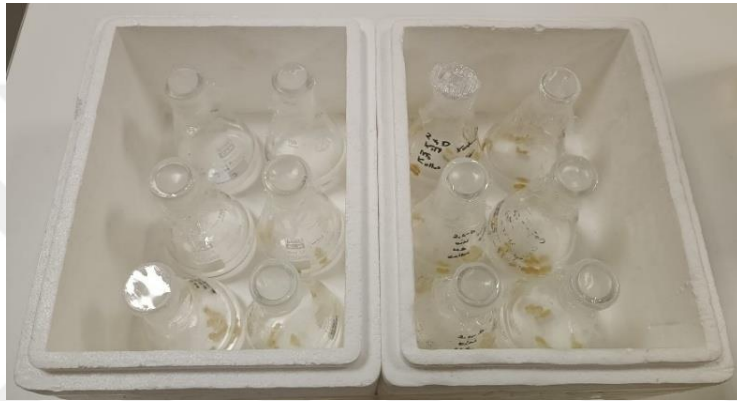
Çimlendirme işlemi sonrası 14 günlük steril fidelerinin hipokotil bölgeleri kallusların gelişimi için eksplant olarak kullanıldı. Hipokotiller, steril bistüri yardımıyla 1 cm boyutlarında parçalara kesilerek kallus oluşumunu teşvik etmek amacıyla 0.5 mg/l Kinetin ve 2 mg/l 2,4-D içeren MS katı besin ortamına aktarıldı. 4 hafta boyunca 26 °C’de ve karanlık ortamda kültüre alındı. Elde edilen kalluslar, süspansiyon kültürlerinin kurulması için eksplant kaynağı olarak kullanıldı (Şekil 3.11).



Şekil 3.11 Oluşturulan *M.sativa* kallusları

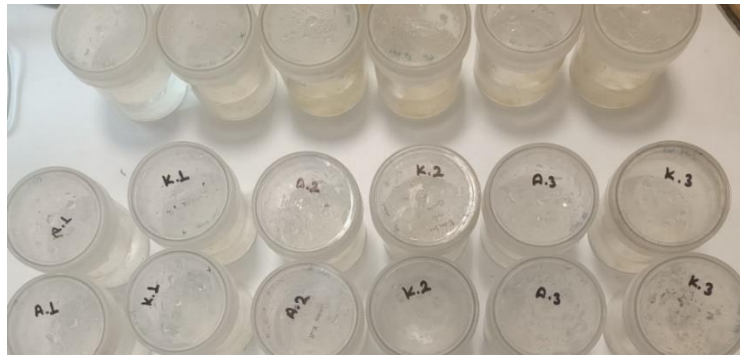
3.2.7.3 Süspansiyon Kültürlerinin Oluşturulması

M.sativa süspansiyon kültürlerinin oluşturulması için uygun kalluslar seçildi ve kalluslar, steril koşullar altında 1'er gram olacak şekilde parçalara ayrıldı. 60 ml hacimde, 0,5 mg/l Kinetin ve 2 mg/l 2-4 D bulunan MS sıvı besiyerlerine aktarıldı. Kültürler 110 rpm de ve 26 °C aydınlık koşullarda, karıştırıcı inkübatörde 4 hafta boyunca tutuldu. 4 hafta boyunca gelişimleri takip edildi ve gelişim hızı açısından fark gösteren kültürler farklı zamanlarda alt kültürlemelere tabi tutuldu. Alt kültürler, 45 ml 0.5 mg/l Kinetin ve 2 mg/l 2-4 D bulunan MS sıvı kültüre 15 ml öncü kültür eklenmesiyle elde edildi (Şekil 3.12).



Şekil 3.12 3 adet negatif kontrol, 9 adet öncü kültür

Alt kültürleme işlemlerinde kültürlerin yarısı aydınlık, yarısı ise karanlık ortamda ve geri kalan diğer parametreler sabit tutulacak şekilde yuvarlak magenta kapları içerisinde gerçekleştirildi (Şekil 3.13). Oluşturulan kültürler görüntü ve ölçüm veri setleri için kullanılan süspansiyon kültürlerinin oluşturulmasında başlangıç kültürleri olarak kullanıldı.



Şekil 3.13 K1, K2 ve K3'ün karanlık ortamda, A1, A2 ve A3'ün ise aydınlık ortamda inkübasyon için ayrılması

3.2.8 *E. coli* Kültürünün Oluşturulması

-80 °C’de ve %15’lik gliserol içerisinde muhafaza edilen *E.coli* suşu, herhangi bir hormon veya antibiyotik içermeyen 5 ml LB broth (MILLER) sıvı besiyerine 5µl ekildi ve 26 °C’de, 110 rpm’de 16 saat boyunca inkübasyon uygulandı. İnkübasyon sonucunda 600 nm’de absorbans değerleri ölçüldü, ölçüm sonunda elde edilen *E.coli* kültürleri kontaminasyon testlerinde ve hücre yoğunluğu tespitlerinde kullanılmak üzere +4 °C de saklandı (Şekil 3.14).



Şekil 3.14 16 saat inkübasyon sonrası *E.coli* kültürü

3.2.9 *A.tumefaciens* Kültürünün Oluşturulması

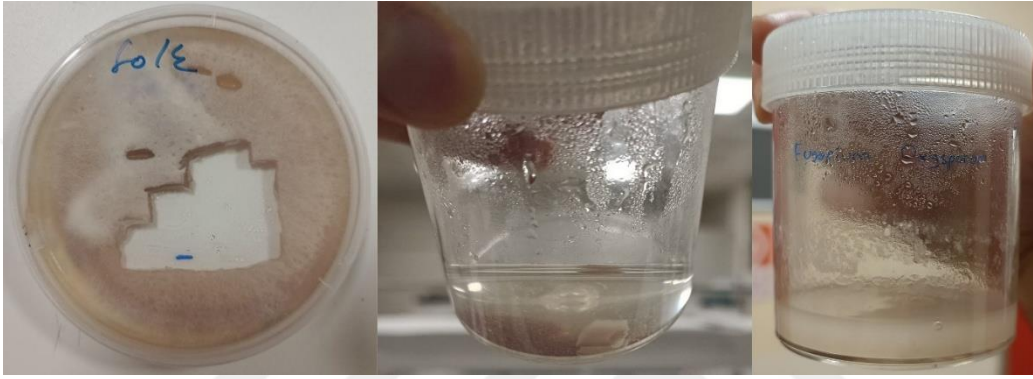
-80 °C’de ve %15’lik gliserol içerisinde muhafaza edilen *A.tumefaciens* suşu, herhangi bir hormon veya antibiyotik içermeyen 5 ml LB broth (MILLER) sıvı besiyerine ekildi ve karanlık ortamda, 26 °C’de, 110 rpm’de 16 saat boyunca inkübasyon uygulandı. İnkübasyon sonucunda 600 nm’de absorbans değerleri ölçüldü, ölçüm sonunda elde edilen *A.tumefaciens* kültürleri kontaminasyon testlerinde ve hücre yoğunluğu tespitlerinde kullanılmak üzere +4 °C de saklandı (Şekil 3.15).



Şekil 3.15 16 saat inkübasyon sonrası *A.tumefaciens* kültürü

3.2.10 *F.oxysporum* Kültürünün Oluşturulması

PDA(Potato Dextrose Agar) katı besiyerine ekilmiş ve 25°C’de muhafaza edilen *F.oxysporum* suşu, 0.5 x 0.5 cm boyutunda bir parça alınarak herhangi bir hormon veya antibiyotik içermeyen 20 ml MS sıvı kültürüne eklendi. 26 °C’de 110 rpm’de 16 saat boyunca inkübasyon uygulandı. İnkübasyon sonucunda 600 nm’de absorbans değerleri ölçüldü, ölçüm sonunda elde edilen *F.oxysporum* kültürleri kontaminasyon testlerinde kullanılmak üzere kısa süreli olarak +4 °C’de saklandı (Şekil 3.16).

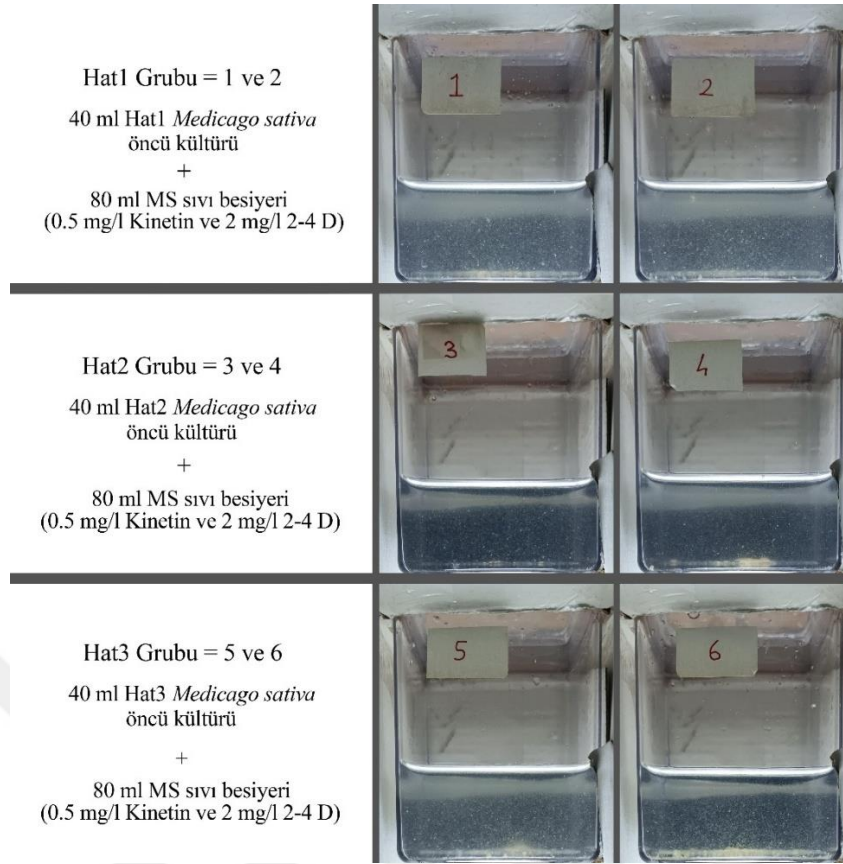


Şekil 3.16 Katı kültürden alınan *F.oxysporum* örneğinin MS sıvı kültüründe 16 saat inkübasyonu

3.2.11 Görüntü ve Ölçüm Veri Setleri İçin Süspansiyon Kültürlerinin Oluşturulması

3.2.11.1 Hayat Döngüsü Görüntü ve Ölçüm Veri Setleri İçin *M.sativa* Süspansiyon Kültürlerinin Oluşturulması

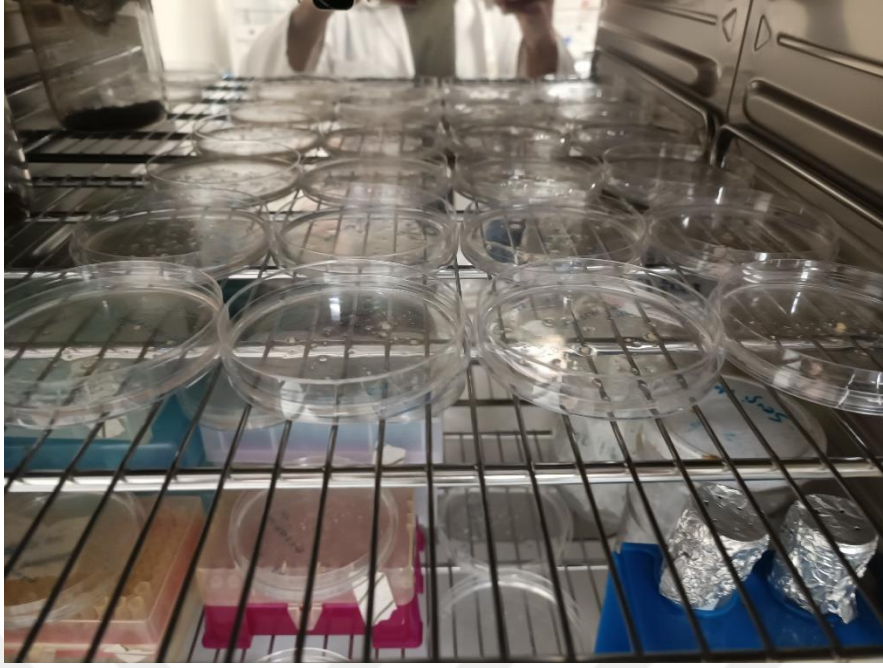
Alt kültürlemeler sonucunda oluşturulan *M.sativa* alt kültürlerinden, aydınlık ve karanlık koşulları gözetilmeden rastgele 3 tanesi görüntü veri setleri üretimi için seçildi. Seçilen 3 farklı *M.sativa* kültürü Hat1, Hat2 ve Hat3 olarak isimlendirildi. Her magenta için 2 adet alt kültürleme gerçekleştirildi. Alt kültürlemeler için 40 ml *M.sativa* süspansiyon kültürü, 80 ml 0.5 mg/l Kinetin ve 2 mg/l 2-4 D bulunan MS sıvı kültürüne eklendi. Görüntü veri seti için oluşturulan alt kültürlemeler kare magenta içerisinde gerçekleştirildi. Oluşturulan 6 adet *M.sativa* süspansiyon kültürleri (Şekil 3.17) 78 gün boyunca karanlık ortamda 26 °C’de ve 110 rpm’de inkübasyon uygulandı ve 24 saat arayla sabit kayıt parametreleri ile fotoğraflandı. Her süspansiyon kültürü yavaşça çalkalanıp 15 saniye bekletildikten sonra fotoğraflandı.



Şekil 3.17 Oluşturulan 6 adet *M.sativa* süspansiyon kültürleri

- ***M.sativa* Kültürlerinde Kuru Biyokütle Ölçümleri**

Hayat döngüsü görüntü veri seti için oluşturulan 6 adet *M.sativa* süspansiyon kültürleri üzerinde, 7 gün arayla kuru biyokütle ölçümleri gerçekleştirildi. Her ölçüm için magentalardan 5'er ml süspansiyon kültürü örneği alındı. Süspansiyon kültürü örneği alınırken, hücrelerin magentanın dibine çökmesinin engellenmesi ve homojen olarak alınması için magentalar yavaşça sürekli sallandı. Alınan örnekler, +4 °C'de ve 10.000 rpm'de 15 dakika boyunca santrifüj edildi. Santrifüj sonrasında süpernatant atıldı ve elde edilen peletler, daha öncesinde tartılmış boş petri kaplarına aktarıldı. Petri kapları, 65 °C'de 8 saat boyunca etüv cihazında kurutuldu (Şekil 3.18). Petri kapları kurutulduktan sonra tekrardan tartıldı ve *M.sativa* hücrelerinin kuru biyokütlesi hesaplandı.

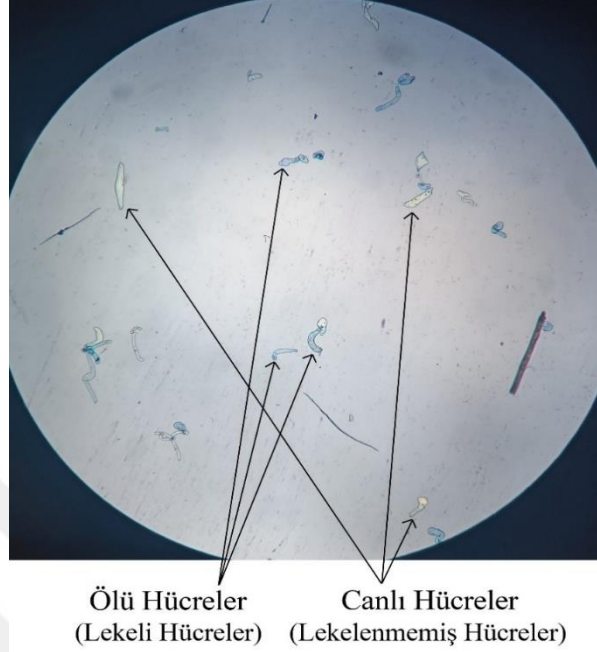


Şekil 3.18 Etüvde kurutulan *M.sativa* hücreleri

- ***M.sativa* Süspansiyon Kültürlerinde Tripan Mavisi Dışlama Testi ile Canlılık Tayinleri**

Hayat döngüsü görüntü veri seti için oluşturulan 6 adet *M.sativa* süspansiyon kültürleri üzerinde, 7 gün arayla Tripan Mavisi dışlama testi ile canlılık tayini gerçekleştirildi. Her ölçüm için magentalardan 0.5'er ml süspansiyon kültürü örneği mikro santrifüj tüplerine aktarıldı. Süspansiyon kültürü örnekleri alınırken, hücrelerin magentanın dibine çökmesinin engellenmesi ve homojen olarak alınması için magentalar yavaşça sürekli sallandı. Alınan örneklerdeki hücrelerin ölmesi ve hatalı sonuçların engellenmesi için, +25 °C'de ve 1.000 rpm'de 5 dakika boyunca santrifüj edildi. Santrifüj sonrasında süpernatant nazikçe atıldı ve mikro santrifüj tüplerinin içerisine steril 0.5 ml saf su eklenerek tekrardan süspanse edildi. Mikro santrifüj tüplerinden 10' µl örnek alınarak 10 µl % 0.4 tripan tripan mavisi ile steril mikro santrifüj tüpünde karıştırıldı ve 3 dakika inkübe edildi. İnkübasyon sonrasında mikro santrifüj tüpünden 10 µl boyanmış örnek ile lam ve lamel kullanılarak preparat hazırlandı. Hazırlanan preparat mikroskop altında 10x büyütme ile canlı ve cansız hücreler 2 dakika içerisinde sayıldı (Şekil 3.19) ve (3.3) hesaplaması kullanılarak canlılık belirlendi. Hatalı ölçümleri engellemek için toplanmış ve üst üste denk gelen hücreler sayıma dahil edilmedi. Bu işlem her magenta için 3 defa tekrarlandı ve 3 tekrarın ortalaması alınarak canlılık belirlendi.

$$\text{Canlılık Oranı (\%)} = \frac{\text{Canlı Hücre Sayısı}}{\text{Toplam Hücre Sayısı}} \times 100 = \frac{\text{Lekelenmemiş Hücreler}}{(\text{Lekeli Hücreler} + \text{Lekelenmemiş Hücreler})} \times 100 \quad (3.3)$$



Şekil 3.19 Tripan mavisi canlılık tayini ile ölü ve canlı hücrelerinin mikroskop altında görüntülenmesi

3.2.11.2 Kontaminasyon Görüntü Veri Seti İçin *M.sativa* Süspansiyon Kültürlerinin Oluşturulması

Kontaminasyon tespiti için *M.sativa* alt kültürleri arasından rastgele 3 tanesi seçildi. Seçilen alt kültürler, tek bir steril kapta karıştırılarak homojenize edildi. Homojenizasyon işlemi ile 225 ml öncü kültür elde edildi. Her magenta içerisinde, 30 ml 0.5 mg/l Kinetin ve 2 mg/l 2-4 D bulunan MS ortamına 15'er ml *M.sativa* kültürü eklendi. Toplamda 15 adet alt kültür elde edildi.

Kültürlerin 3'ü kontrol olarak kullanıldı ve kontaminasyon bulaştırılmadı. Geri kalan 12 kültürün 3'ü *F.oxysporum*, 3'ü *A.tumefaciens*, 3'ü *E.coli* ve 3'ü *saliva* (tükürük) ile kontamine edildi. Kontaminasyon için daha öncesinde elde edilen *F.oxysporum*, *A.tumefaciens* ve *E.coli* kültürleri kaynak olarak kullanıldı ve her magentaya 0.25 absorbans değerinde (600 nm ölçüm koşullarında) 10'ar mikrolitre eklendi. *Saliva*(tükürük) örneği, ise deney sırasında araştırmacıdan elde edildi, ardından alınan örnek 3 magentaya ayrı ayrı 10'ar mikrolitre olarak eklendi. Oluşturulan 3 adet *M.sativa* kontrol süspansiyon kültürleri ve 12 adet kontamine edilmiş *M.sativa* süspansiyon kültürleri (Şekil 3.20), 48 saat boyunca karanlık

ortamda 26 °C’de ve 110 rpm’de inkübasyon uygulandı ve 6 saat sabit kayıt parametreleri ile fotoğraflandı. Her süspansiyon kültürü yavaşça çalkalanıp 40 saniye bekletildikten sonra fotoğraflandı.

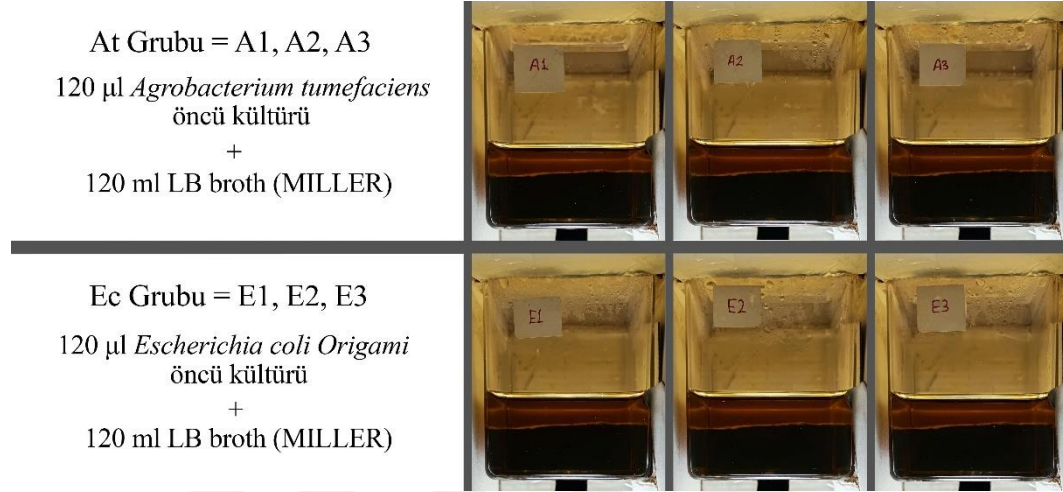


Şekil 3.20 Kontaminasyon tespiti için hazırlanmış süspansiyon kültürleri

3.2.11.3 Hücre Yoğunluğu Görüntü ve Ölçüm Veri Setleri İçin *E.coli* ve *A.tumefaciens* Kültürlerinin Oluşturulması

6 adet magentaya, herhangi bir hormon veya antibiyotik içermeyen 120 ml LB broth (MILLER) sıvı besiyeri eklendi. Başlangıç hücre yoğunluğu %1 olması için +4 °C’de bekletilen *E.coli* ve *A.tumefaciens* kültürlerinden, 3 magentaya *E.coli* ve 3 magentaya da *A.tumefaciens* suşları 120 µl hacminde eklendi. Oluşturulan *E.coli*

kültürleri Ec grubu olarak ve *A.tumefaciens* kültürleri At grubu olarak isimlendirildi. Oluşturulan kültürler (Şekil 3.21) 24 saat boyunca karanlık ortamda 26 °C’de ve 110 rpm’de inkübasyon uygulandı ve 6 saat arayla sabit kayıt parametreleri ile fotoğraflandı. Her kültür yavaşça çalkalanıp 15 saniye bekletildikten sonra fotoğraflandı.



Şekil 3.21 Oluşturulan 3 adet *A.tumefaciens* ve 3 adet *E.coli* kültürleri

- ***E.coli* ve *A.tumefaciens* Kültürlerinde UV-Spektrofotometre Cihazı ile Absorbans Ölçümleri**

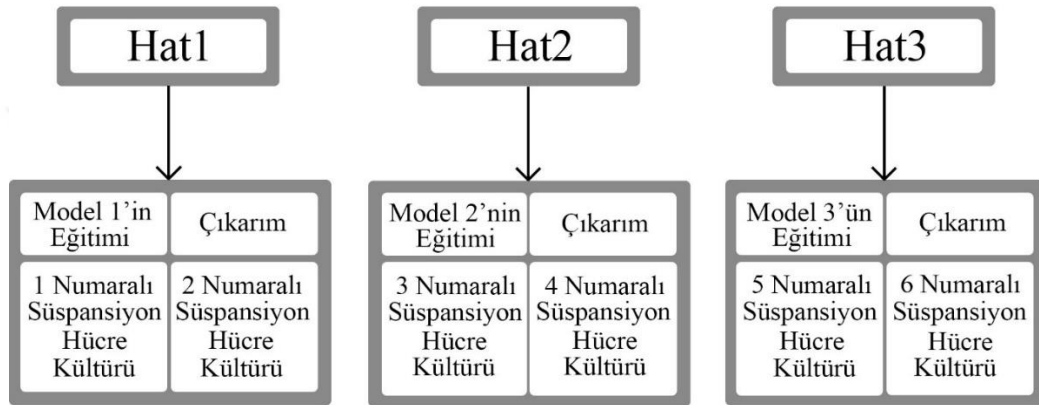
Hücre yoğunluğu görüntü veri seti için oluşturulan *E.coli* ve *A.tumefaciens* kültürlerinden, 6 saat arayla 5’er ml kültürü örneği alındı. Her magenta için alınan 5 ml örnek, 3 adet plastik küvete eşit hacimde bölünerek yüklendi ve UV-Spektrofotometre cihazında 600 nm’de absorbans değerleri ölçüldü. Her magenta için gerçekleştirilen 3 tekrarlı ölçümün ortalaması alındı. Bu işlem her magenta için aynı prosedürde uygulandı.

3.2.12 *M.sativa* Süspansiyon Kültürlerinin Görüntü ve Ölçüm Veri Setleri ile Hayat Döngüsü Model Eğitimleri ve Çıkarımları

M.sativa süspansiyon kültürlerinin hayat döngüsü model eğitimleri için oluşturulan 6 adet süspansiyon kültürlerinin 78 günlük görüntü veri seti ve ölçüm veri seti olarak kuru biyokütle ölçümleri, tripan mavisi dışlama testi ile canlılık tayini test sonuçları kullanıldı. Ayrıca süspansiyon kültürlerinin hayat döngüsü üreme fazı, durağan faz ve ölüm fazı olmak üzere 3 temel faza ayrılarak ölçüm veri setlerine eklendi. 1, 3 ve 5 numaralı süspansiyon kültürleri, modellerin eğitiminde kullanıldı. 2, 4 ve 6 numaralı süspansiyon kültürleri ise çıkarım testleri için kullanıldı. Hat1,

Hat2 ve Hat3 ayrı gruplar olarak değerlendirildi. Eğitim için ara değerlerin hesaplamaları, lineer ile üstel artış ve azalış hesaplamalarının beraber uygulanması seçildi ve her görüntünün aynı bölgeleri tarandı.

1 numaralı süspansiyon kültüründen eğitilen model “Model 1” olarak, 3 numaralı süspansiyon kültüründen eğitilen model “Model 2” olarak ve 5 numaralı süspansiyon kültüründen eğitilen model “Model 3” olarak isimlendirildi. Modeller, hücre hatlarının farklı olması sebebiyle birleştirilmedi. Eğitimlerin ardından çıkarım testleri gerçekleştirildi (Şekil 3.22).

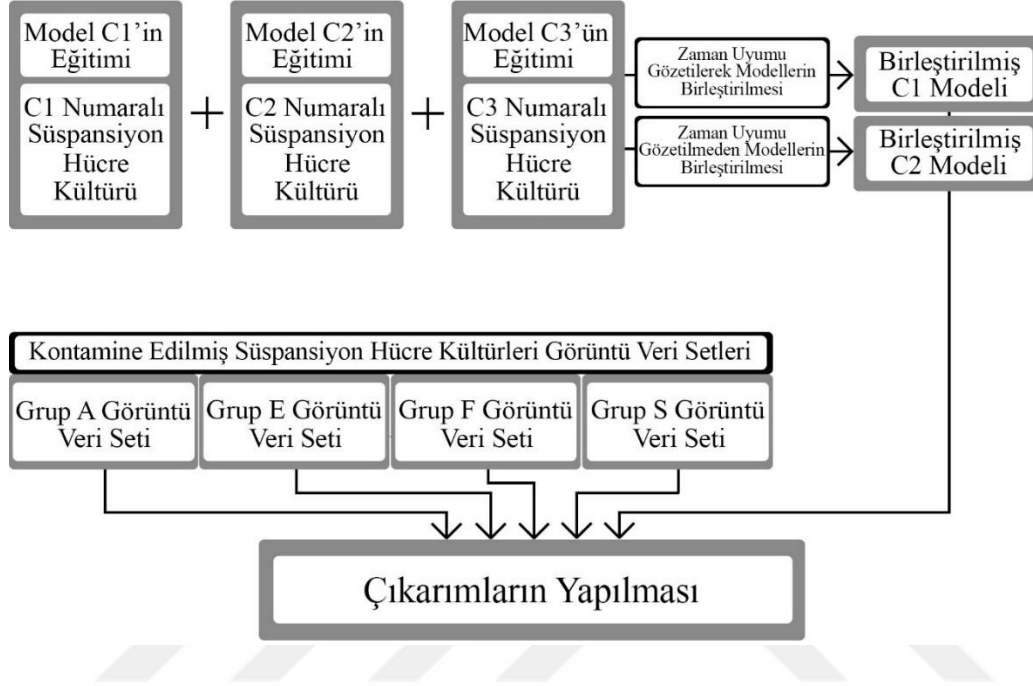


Şekil 3.22 Modellerin eğitimleri ve çıkarımlar için kullanılan süspansiyon kültürleri

3.2.13 *M.sativa* Süspansiyon Kültürlerinin Görüntü Veri Setleri ile Kontaminasyon Tespit Model Eğitimleri ve Çıkarımları

M.sativa süspansiyon kültürlerinin Kontaminasyon tespiti model eğitimleri için oluşturulan 15 adet süspansiyon kültürlerinin 48 saatlik görüntü veri seti kullanıldı. Hücreler alt kültürlemelerden önce homojenize edildiği için ayrı hatlar olarak değerlendirilmedi. Eğitim için ara değerlerin hesaplamaları, lineer artış ve azalış hesaplaması seçildi ve her görüntünün aynı bölgeleri tarandı. Kontrol grubu ile eğitilmiş modeller, çıkarım performans karşılaştırmaları için hem ayrı olarak hem de zaman uyumu gözetilerek ve zaman uyumu gözetilmeyerek birleştirildi. Zaman uyumu gözetilerek birleştirme işleminde Z-Skor parametresi 1'e ayarlandı, zaman uyumu gözetilmeyerek gerçekleştirilen model birleştirme işleminde maksimum mesafe sınırı 7 birim olarak belirlendi. Eğitilen modeller, kontamine edilmiş

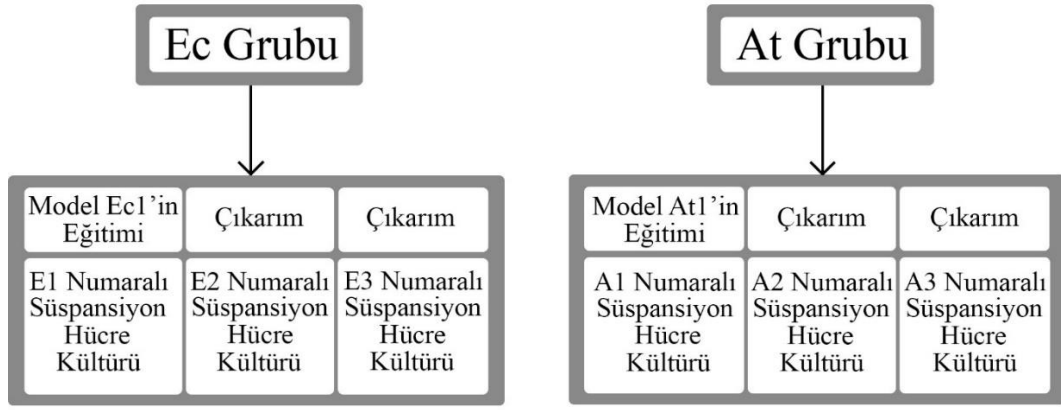
süspansiyon kültürleri görüntüleri ile kontamine edilmemiş süspansiyon kültürleri arasında model uyumluluğu çıkarım testlerinin gerçekleştirilmesinde kullanıldı. Model uyumluluğu değeri, kontamine süspansiyon kültürü görüntüsü ile model üzerinde eşleştiği koordinat arasındaki benzerlik değerinin hesaplanması ile elde edildi (Şekil 3.23).



Şekil 3.23 Kontaminasyon tespit çıkarımlarının şeması

3.2.14 *E.coli* ve *A.tumefaciens* Kültürlerinin Görüntü ve Ölçüm Veri Setleri ile Hücre Yoğunluğu Tespit Model Eğitimleri ve Çıkarımları

E.coli ve *A.tumefaciens* kültürleri hücre yoğunluğu tespiti için oluşturulan 6 adet kültürlerinin 24 saatlik görüntü veri seti ve ölçüm veri seti olarak absorbans ölçümleri sonuçları kullanıldı. Eğitim için ara değerlerin hesaplamaları, lineer artış ve azalış hesaplaması olarak seçildi ve her görüntünün aynı bölgeleri tarandı. Ec grubundaki E1 numaralı ve At grubundaki A1 numaralı kültürleri model eğitimlerinde kullanıldı. Diğer kültürler ise çıkarımların gerçekleştirilmesi için görüntü veri seti olarak kullanıldı. E1 numaralı kültürden eğitilen model, “Model Ec1” olarak ve A1 numaralı kültürden eğitilen model “Model At1” olarak isimlendirildi. Her grubun çıkarım testleri ayrı olarak gerçekleştirildi (Şekil 3.24).

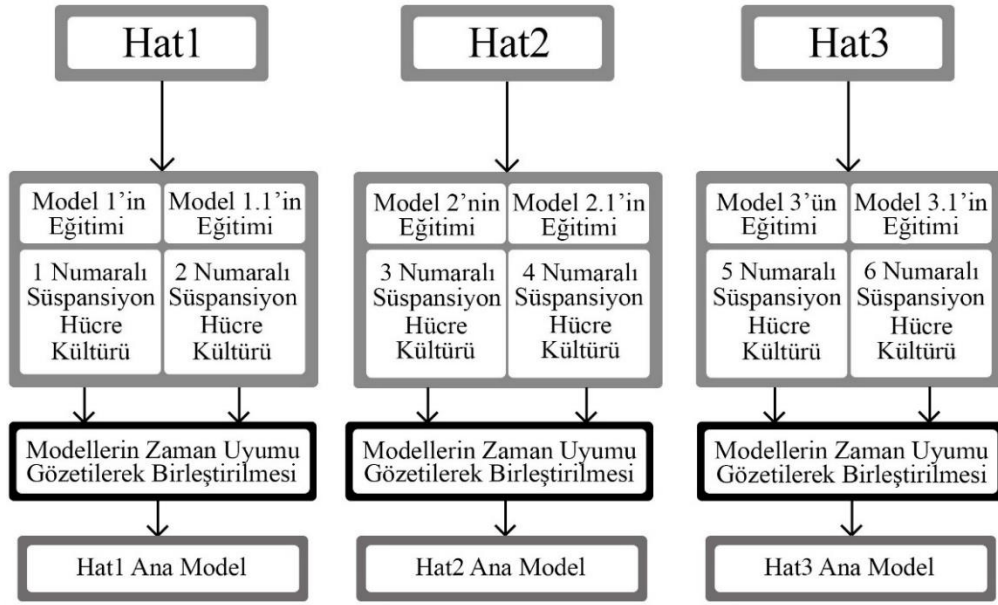


Şekil 3.24 Hücre yoğunluğu tespit çıkarımlarının şeması

3.2.15 Modellerin 3 Boyutlu Haritama ile Karşılaştırılması

3.2.15.1 Hat1, Hat2 ve Hat3 Gruplarının Karşılaştırılması

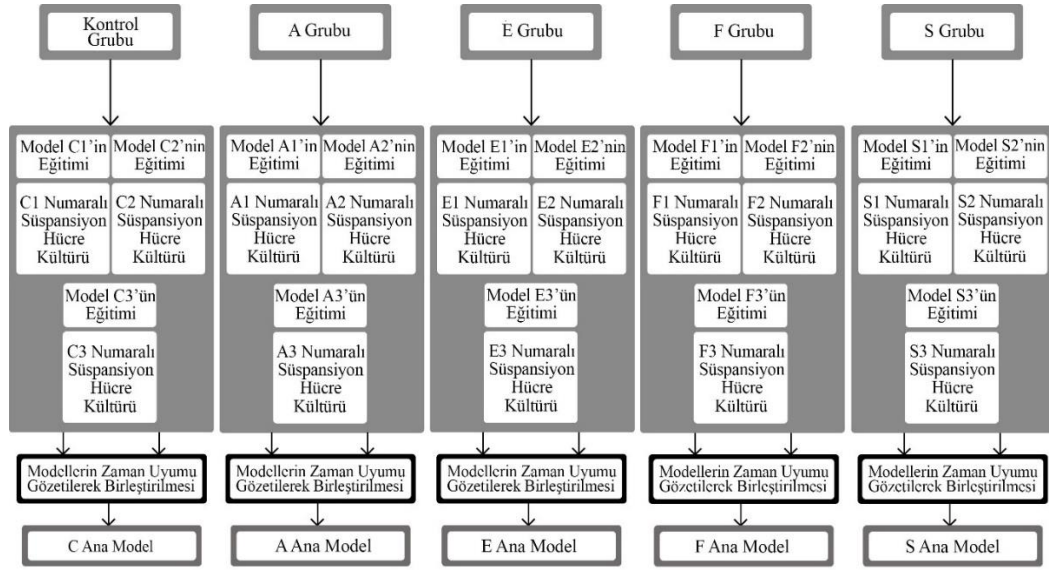
Hat1, Hat2 ve Hat3 gruplarında bulunan 6 adet süspansiyon kültürlerinin 78 günlük görüntü veri seti ve ölçüm veri seti olarak kuru biyokütle ölçümleri ve tripan mavisi dışlama testi ile canlılık tayini test sonuçları modellerin eğitimleri için kullanıldı. Eğitim için ara değerlerin hesaplamaları, lineer ile üstel artış ve azalış hesaplamalarının beraber uygulanması seçildi ve her görüntünün aynı bölgeleri tarandı. Aynı grup içerisinde bulunan süspansiyon kültürlerinin modelleri, zaman uyumu gözetilerek birleştirildi. Zaman uyumu gözetilerek birleştirme işleminde Z-Skor parametresi 1'e ayarlandı. Hat1 grubunda bulunan süspansiyon kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "Hat1 Ana Model" olarak, Hat2 grubunda bulunan süspansiyon kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "Hat2 Ana Model" olarak ve Hat3 grubunda bulunan süspansiyon kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "Hat3 Ana Model" olarak isimlendirildi (Şekil 3.25). Birleştirilen modeller 3 boyutlu haritalama ile karşılaştırıldı.



Şekil 3.25 Hat1 Ana, Hat2 Ana ve Hat3 Ana modellerinin oluşturulma şeması

3.2.15.2 Kontrol, A, E, F ve S Gruplarının Karşılaştırılması

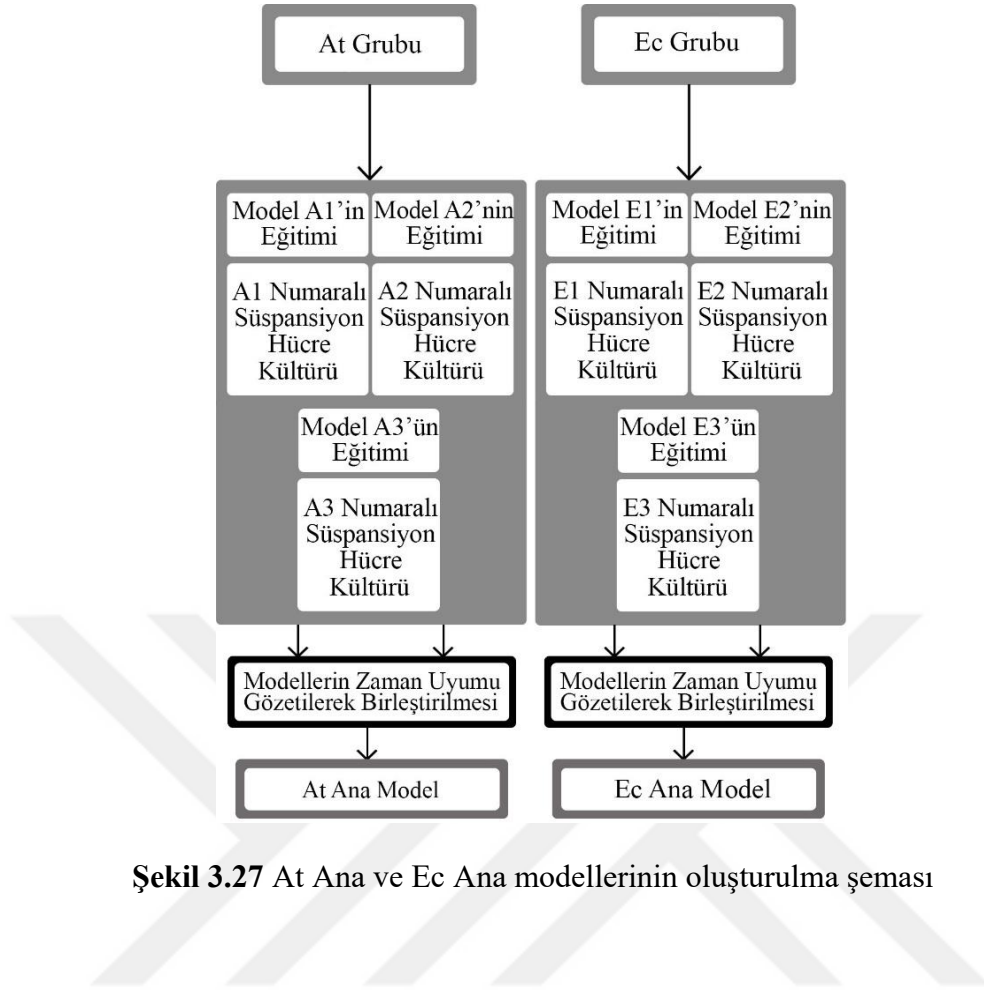
Kontrol, A, E, F ve S gruplarında bulunan 15 adet süspansiyon kültürlerinin. 48 saatlik görüntü veri seti ve görüntülerin alındığı saatler ölçüm veri seti olarak kullanıldı. Eğitim için ara değerlerin hesaplamaları, lineer artış ve azalış hesaplaması seçildi ve her görüntünün aynı bölgeleri tarandı. Aynı grup içerisinde bulunan süspansiyon kültürlerinin modelleri, zaman uyumu gözetilerek birleştirildi. Zaman uyumu gözetilerek birleştirme işleminde Z-Skor parametresi 1'e ayarlandı. Kontrol grubunda bulunan süspansiyon kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "C Ana Model" olarak, A grubunda bulunan süspansiyon kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "A Ana Model" olarak, E grubunda bulunan süspansiyon kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "E Ana Model" olarak, F grubunda bulunan süspansiyon kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "F Ana Model" olarak ve S grubunda bulunan süspansiyon kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "S Ana Model" olarak isimlendirildi (Şekil 3.26). Birleştirilen modeller 3 boyutlu haritalama ile karşılaştırıldı.



Şekil 3.26 C Ana, A Ana, E Ana, F Ana ve S Ana modellerinin oluşturulma şeması

3.2.15.3 Ec ve At Gruplarının Karşılaştırılması

Ec ve At gruplarında bulunan 6 adet kültürlerinin 24 saatlik görüntü veri seti ve ölçüm veri seti olarak absorbans ölçümleri sonuçları kullanıldı. Eğitim için ara değerlerin hesaplamaları, lineer artış ve azalış hesaplaması seçildi ve her görüntünün aynı bölgeleri tarandı. Aynı grup içerisinde bulunan kültürlerinin modelleri, zaman uyumu gözetilerek birleştirildi. Zaman uyumu gözetilerek birleştirme işleminde Z-Skor parametresi 1'e ayarlandı. Ec grubunda bulunan kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "Ec Ana Model" olarak, At grubunda bulunan kültürleri modellerinin birleştirilmesi ile elde edilen model "At Ana Model" olarak isimlendirildi (Şekil 3.27). Birleştirilen modeller 3 boyutlu haritalama ile karşılaştırıldı.



Şekil 3.27 At Ana ve Ec Ana modellerinin oluşturulma şeması

4.1 Eğitilen Modellerin Çıkarım Doğruluğu Değerlendirmeleri

Modellerin performansları, yüzdesel çıkarım doğruluğu hesaplanarak değerlendirildi. Ağırlıklı skorlama algoritması ile gerçekleştirilen çıkarımların yüzdesel doğruluğu (4.1) formülü kullanılarak, rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen çıkarımların yüzdesel doğruluğu (4.2) formülü kullanılarak ve yapay sinir ağı ile gerçekleştirilen çıkarımların yüzdesel doğruluğu (4.3) formülü kullanılarak hesaplandı. Çıkarım doğruluğu %95 ve üzerinde olan modeller başarılı kabul edildi. Gerçekleştirilen bütün çıkarımların ortalaması alınarak modelin toplam doğruluğu hesaplandı.

$$\text{Çıkarım Doğruluğu(\%)} = \left(1 - \frac{\left| \text{Ölçüm Değeri} - \frac{\text{Ağırlıklı Skorlama Çıkarım Değer Aralığı Ortalaması}}{\text{Ölçüm Değeri}} \right|}{\text{Ölçüm Değeri}} \right) \times 100 \quad (4.1)$$

$$\text{Çıkarım Doğruluğu(\%)} = \left(1 - \frac{\left| \text{Ölçüm Değeri} - \frac{\text{Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri}}{\text{Ölçüm Değeri}} \right|}{\text{Ölçüm Değeri}} \right) \times 100 \quad (4.2)$$

$$\text{Çıkarım Doğruluğu(\%)} = \left(\frac{\text{Doğru Çıkarım Sayısı}}{\text{Toplam Çıkarım Sayısı}} \right) \times 100 \quad (4.3)$$

4.2 *M.sativa* Süspansiyon Kùltürlerinin Hayat Döngüsü Tespit Model Performans Sonuçları

4.2.1 Model 1'in Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması, Rastgele Orman Regresyon Analizi ve Yapay Sinir Ağlarının Performans Karşılaştırmaları

Oluşturulan, minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması ile kuru biyokütle ve hücre canlılığı çıkarımları gerçekleştirildi. Kuru biyokütle çıkarımları için gerçekleştirilen 12 çıkarımın 11'i %95 doğruluk sınırının aşarken (Tablo A.1) aynı zamanda hücre canlılığı çıkarımları için gerçekleştirilen 12 çıkarımın da 11'i %95 doğruluk sınırını aştı (Tablo A.2). Model 1'in, minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması ile uygulanması sonucunda kuru biyokütle çıkarımları için toplam çıkarım doğruluğu %97.9 olarak, hücre canlılığı için toplam çıkarım doğruluğu ise %97.01 olarak hesaplandı.

Model 1'in rastgele orman regresyonu ile kuru biyokütle ve hücre canlılığı çıkarımları gerçekleştirildi. Kuru biyokütle tespiti için gerçekleştirilen 12 çıkarımın 7'si %95 doğruluk sınırının aşarken (Tablo A.3), hücre canlılığı çıkarımlarının 5'i %95 doğruluk sınırını aşabildi (Tablo A.4). Model 1'in, rastgele orman regresyonunun uygulanması sonucunda kuru biyokütle çıkarımları için toplam çıkarım doğruluğu %90.78 olarak, hücre canlılığı için toplam çıkarım doğruluğu ise %94.2 olarak hesaplandı.

Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması ve yapay sinir ağı ile büyüme eğrisi çıkarımları gerçekleştirildi. Gerçekleştirilen 34 çıkarımın 1'inde minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması hatalı sonuç üretti ve yüzdesel çıkarım doğruluğu %97.06 olarak hesaplandı. Yapay sinir ağı ile gerçekleştirilen 34 çıkarımın 23'ünde hatalı sonuç üretti ve yüzdesel çıkarım doğruluğu %32.35 olarak hesaplandı (Tablo A.5).

Sonuç itibariyle oluşturulan minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması, rastgele orman regresyonundan ve yapay sinir ağından daha fazla başarı gösterirken aynı zamanda %95 toplam çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başardı. Rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağı ise %95 toplam çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başaramadı (Tablo 4.1).

Tablo 4.1 Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen kuru biyokütle, hücre canlılığı ve büyüme eğrisi çıkarım sonuçları

Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen kuru biyokütle tahminlerinin toplam doğruluğu	%97.9
Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen hücre canlılığı tahminlerinin toplam doğruluğu	%97.01
Rastgele orman regresyonu kullanılarak gerçekleştirilen kuru biyokütle tahminlerinin toplam doğruluğu	%90.78
Rastgele orman regresyonu kullanılarak gerçekleştirilen hücre canlılığı tahminlerinin toplam doğruluğu	%94.2
Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen büyüme eğrisi tahminlerinin yüzdesel doğruluğu	%97.06
Yapay sinir ağırları kullanılarak gerçekleştirilen büyüme eğrisi tahminlerinin yüzdesel doğruluğu	%32.35

4.2.2 Model 2'nin Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritması, Rastgele Orman Regresyon Analizi ve Yapay Sinir Ağırlarının Performans Karşılaştırmaları

Oluşturulan, minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile kuru biyokütle ve hücre canlılığı çıkarımları gerçekleştirildi. Kuru biyokütle çıkarımları için gerçekleştirilen 12 çıkarımın 11'i %95 doğruluk sınırının aşarken (Tablo A.6) aynı zamanda hücre canlılığı çıkarımları için gerçekleştirilen 12 çıkarımın da 11'i %95 doğruluk sınırını aştı (Tablo A.7). Model 2'nin, minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile uygulanması sonucunda kuru biyokütle çıkarımları için toplam çıkarım doğruluğu %97.64 olarak, hücre canlılığı için toplam çıkarım doğruluğu ise %96.51 olarak hesaplandı.

Model 2'nin rastgele orman regresyonu ile kuru biyokütle ve hücre canlılığı çıkarımları gerçekleştirildi. Kuru biyokütle çıkarımları için gerçekleştirilen 12 çıkarımın 11'i %95 doğruluk sınırının aşarken (Tablo A.8) aynı zamanda hücre canlılığı çıkarımları için gerçekleştirilen 12 çıkarımın da 11'i %95 doğruluk sınırını aştı (Tablo A.9). Model 2'nin, rastgele orman regresyonunun uygulanması sonucunda kuru biyokütle çıkarımları için toplam çıkarım doğruluğu %94.45 olarak, hücre canlılığı için toplam çıkarım doğruluğu ise %95.89 olarak hesaplandı.

Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve yapay sinir ağı ile büyüme eğrisi çıkarımları gerçekleştirildi. Gerçekleştirilen 34 çıkarımın hiçbirinde minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması hatalı sonuç üretmedi ve yüzdesel çıkarım doğruluğu %100 olarak hesaplandı. Yapay sinir ağı ile gerçekleştirilen 34 çıkarımın 14'ünde hatalı sonuç üretti ve yüzdesel çıkarım doğruluğu %58.82 olarak hesaplandı (Tablo A.10).

Sonuç itibariyle oluşturulan minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonundan ve yapay sinir ağından daha fazla başarı gösterirken aynı zamanda %95 toplam çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başardı. Rastgele orman regresyonu kuru biyokütle çıkarımlarında %95 toplam çıkarım doğruluğunu aşamazken, hücre canlılığı çıkarımlarında %95 toplam çıkarım doğruluk sınırını aşabildi. Yapay sinir ağı ise büyüme eğrisi çıkarımlarında %95 doğruluk sınırını aşamadı (Tablo 4.2).

Tablo 4.2 Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağları ile gerçekleştirilen kuru biyokütle, hücre canlılığı ve büyüme eğrisi çıkarım sonuçları

Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen kuru biyokütle tahminlerinin toplam doğruluğu	%97.64
Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen hücre canlılığı tahminlerinin toplam doğruluğu	%96.51
Rastgele orman regresyonu kullanılarak gerçekleştirilen kuru biyokütle tahminlerinin toplam doğruluğu	%94.45

Tablo 4.2 Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen kuru biyokütle, hücre canlılığı ve büyüme eğrisi çıkarım sonuçları (devamı)

Rastgele orman regresyonu kullanılarak gerçekleştirilen hücre canlılığı tahminlerinin toplam doğruluğu	%95.89
Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen büyüme eğrisi tahminlerinin yüzdesel doğruluğu	%100
Yapay sinir ağırları kullanılarak gerçekleştirilen büyüme eğrisi tahminlerinin yüzdesel doğruluğu	%58.82

4.2.3 Model 3'ün Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritması, Rastgele Orman Regresyon Analizi ve Yapay Sinir Ağlarının Performans Karşılaştırmaları

Oluşturulan, minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile kuru biyokütle ve hücre canlılığı çıkarımları gerçekleştirildi. Kuru biyokütle çıkarımları için gerçekleştirilen 12 çıkarımın 11'i %95 doğruluk sınırının aşarken (Tablo A.11) hücre canlılığı çıkarımları için gerçekleştirilen 12 çıkarımın 10'u %95 doğruluk sınırını aştı (Tablo A.12). Model 3'ün, minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile uygulanması sonucunda kuru biyokütle çıkarımları için toplam çıkarım doğruluğu %96.5 olarak, hücre canlılığı için toplam çıkarım doğruluğu ise %96.96 olarak hesaplandı.

Model 3'ün rastgele orman regresyonu ile kuru biyokütle ve hücre canlılığı çıkarımları gerçekleştirildi. Kuru biyokütle tespiti için gerçekleştirilen 12 çıkarımın 7'si %95 doğruluk sınırının aşarken (Tablo A.13), hücre canlılığı çıkarımlarının 8'i %95 doğruluk sınırını aştı (Tablo A.14). Model 3'ün, rastgele orman regresyonunun uygulanması sonucunda kuru biyokütle çıkarımları için toplam çıkarım doğruluğu %92.19 olarak, hücre canlılığı için toplam çıkarım doğruluğu ise %94.71 olarak hesaplandı.

Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve yapay sinir ağı ile büyüme eğrisi çıkarımları gerçekleştirildi. Gerçekleştirilen 34 çıkarımın 1'inde minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması hatalı sonuç üretti ve yüzdesel çıkarım doğruluğu %97.06 olarak hesaplandı. Yapay sinir ağı ile gerçekleştirilen 34 çıkarımın 17'sinde hatalı sonuç üretildi ve yüzdesel çıkarım doğruluğu %50.17 olarak hesaplandı (Tablo A.15).

Sonuç itibariyle oluşturulan minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonundan ve yapay sinir ağından daha fazla başarı gösterirken aynı zamanda %95 toplam çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başardı. Rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağı ise %95 toplam çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başaramadı (Tablo 4.3).

Tablo 4.3 Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonu ve yapay sinir ağı ile gerçekleştirilen kuru biyokütle, hücre canlılığı ve büyüme eğrisi çıkarım sonuçları

Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen kuru biyokütle tahminlerinin toplam doğruluğu	%96.5
Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen hücre canlılığı tahminlerinin toplam doğruluğu	%96.96
Rastgele orman regresyonu kullanılarak gerçekleştirilen kuru biyokütle tahminlerinin toplam doğruluğu	%92.19
Rastgele orman regresyonu kullanılarak gerçekleştirilen hücre canlılığı tahminlerinin toplam doğruluğu	%94.71
Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak gerçekleştirilen büyüme eğrisi tahminlerinin yüzdesel doğruluğu	%97.06
Yapay sinir ağı kullanılarak gerçekleştirilen büyüme eğrisi tahminlerinin yüzdesel doğruluğu	%50

4.3 *M.sativa* Süspansiyon Kültürlerinin Kontaminasyon Tespit Model Performans Sonuçları

Kontaminasyon tespitleri gerçekleştirilirken, kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinin kontrol model verileri ile arasındaki uyumluluk değerleri minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama ile hesaplanmıştır. Kontrol modelleri ile uyumluluk sınırı %95 olarak belirlendi.

4.3.1 Birleştirilmiş C1 Modelinin Performans Sonuçları

A.tumefaciens ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinden A1 ve A2 numaralı kültürlerin kontaminasyonu 24. saatte alınan görüntüler ile tespit edilirken, A3 numaralı kültürün kontaminasyonu 18. saatte alınan görüntü ile tespit edildi (Tablo A.16).

E.coli ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinden E1, E2 ve E3 numaralı kültürlerin kontaminasyonu 18. saatte alınan görüntüler ile tespit edildi (Tablo A.17).

F.oxysporum ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinden F1, F2 ve F3 numaralı kültürlerin kontaminasyonu 18. saatte alınan görüntüler ile tespit edildi (Tablo A.18).

Saliva ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinden S1, S2 ve S3 numaralı kültürlerin kontaminasyonu 24. saatte alınan görüntüler ile tespit edildi (Tablo A.19).

Birleştirilmiş C1 modeli kullanılarak gerçekleştirilen bütün kontaminasyon tespit çıkarımlarının sonuçları Tablo 4.4'te gösterilmektedir.

Tablo 4.4 Birleştirilmiş C1 modeli kullanılarak A, E, F ve S grupları ile gerçekleştirilen kontaminasyon tespiti çıkarım sonuçları

A1 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	24
A2 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	24
A3 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18

Tablo 4.4 Birleştirilmiş C1 modeli kullanılarak A, E, F ve S grupları ile gerçekleştirilen kontaminasyon tespiti çıkarım sonuçları (devamı)

E1 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
E2 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
E3 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
F1 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
F2 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
F3 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
S1 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	24
S2 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	24
S3 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	24

4.3.2 Birleştirilmiş C2 Modelinin Performans Sonuçları

A.tumefaciens ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinden A1, A2 ve A3 numaralı kültürlerin kontaminasyonu 18. saatte alınan görüntüler ile tespit edildi (Tablo A.20).

E.coli ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinden E1, E2 ve E3 numaralı kültürlerin kontaminasyonu 18. saatte alınan görüntüler ile tespit edildi (Tablo A.21).

F.oxysporum ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinden F1 numaralı kültürün kontaminasyonu 12. saatte alınan görüntü ile tespit edilirken, F2 ve F3 numaralı kültürlerin kontaminasyonu 18. saatte alınan görüntüler ile tespit edildi (Tablo A.22).

Saliva ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürlerinden S1, S2 ve S3 numaralı kültürlerin kontaminasyonu 24. saatte alınan görüntüler ile tespit edildi (Tablo A.23).

Birleştirilmiş C2 modeli kullanılarak gerçekleştirilen bütün kontaminasyon tespit çıkarımlarının sonuçları Tablo 4.5'te gösterilmektedir.

Tablo 4.5 Birleştirilmiş C2 modeli kullanılarak A, E, F ve S grupları ile gerçekleştirilen kontaminasyon tespiti çıkarım sonuçları

A1 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
A2 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
A3 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
E1 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
E2 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
E3 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
F1 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	12
F2 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
F3 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	18
S1 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	24
S2 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	24
S3 süspansiyon kültüründeki kontaminasyon tespit zamanı (saat)	24

4.4 *E.coli* ve *A.tumefaciens* Kültürlerinin Hücre Yoğunluğu Tespit Model Performans Sonuçları

4.4.1 Model Ec1'in Performans Sonuçları

E2 ve E3 numaralı kültürler üzerindeki, minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu tespit çıkarımlarının hepsinde %95 çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başardı. Model Ec1'in, E2 numaralı kültür üzerindeki toplam çıkarım doğruluğu %97.39 olarak (Tablo A.24), E3 numaralı kültür üzerindeki toplam çıkarım doğruluğu ise %96.73 olarak (Tablo A.25) hesaplandı.

Rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu tespit çıkarımlarında Model Ec1, E2 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen 4 çıkarımın 1'i %95 çıkarım doğruluk sınırının altında kaldı. Model Ec1, E3 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen 4 çıkarımın 2'si %95 çıkarım doğruluk sınırının altında kaldı. Model Ec1'in, E2 numaralı kültür üzerindeki toplam çıkarım doğruluğu %94 olarak (Tablo A.26), E3 numaralı kültür üzerindeki toplam çıkarım doğruluğu ise %92.64 olarak (Tablo A.27) hesaplandı.

Sonuç itibariyle oluşturulan minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması, rastgele orman regresyonundan daha fazla başarı gösterirken aynı zamanda her iki kültür için %95 toplam çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başardı. Rastgele orman regresyonu ise her iki kültürde de %95 toplam çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başaramadı (Tablo 4.6).

Tablo 4.6 Model Ec1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları

Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak, E2 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen hücre yoğunluğu tahminlerinin toplam doğruluğu	%97.39
--	---------------

Tablo 4.6 Model Ec1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları
(devamı)

Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak, E3 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen hücre yoğunluğu tahminlerinin toplam doğruluğu	%96.73
Rastgele orman regresyonu kullanılarak, E2 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen hücre yoğunluğu tahminlerinin toplam doğruluğu	%94
Rastgele orman regresyonu kullanılarak, E3 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen hücre yoğunluğu tahminlerinin toplam doğruluğu	%92.64

4.4.2 Model At1'in Performans Sonuçları

Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu tespit çıkarımlarında Model At1, A2 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen çıkarımların hepsinde %95 çıkarım doğruluk sınırını aşmayı başardı. Model At1, A3 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen 4 çıkarımın 1'i %95 çıkarım doğruluk sınırının altında kaldı. Model At1'in, A2 numaralı kültür üzerindeki toplam çıkarım doğruluğu %97.15 olarak (Tablo A.28), A3 numaralı kültür üzerindeki toplam çıkarım doğruluğu ise %96.22 olarak (Tablo A.29) hesaplandı.

Rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu tespit çıkarımlarında Model At1, A2 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen 4 çıkarımın 1'i %95 çıkarım doğruluk sınırının altında kaldı. Model At1, A3 numaralı kültür üzerinde gerçekleştirilen 4 çıkarımın 1'i %95 çıkarım doğruluk sınırının altında kaldı. Model At1'in, A2 numaralı kültür üzerindeki toplam çıkarım doğruluğu %97.03 olarak (Tablo A.30), A3 numaralı kültür üzerindeki toplam çıkarım doğruluğu ise %96.32 olarak (Tablo A.31) hesaplandı.

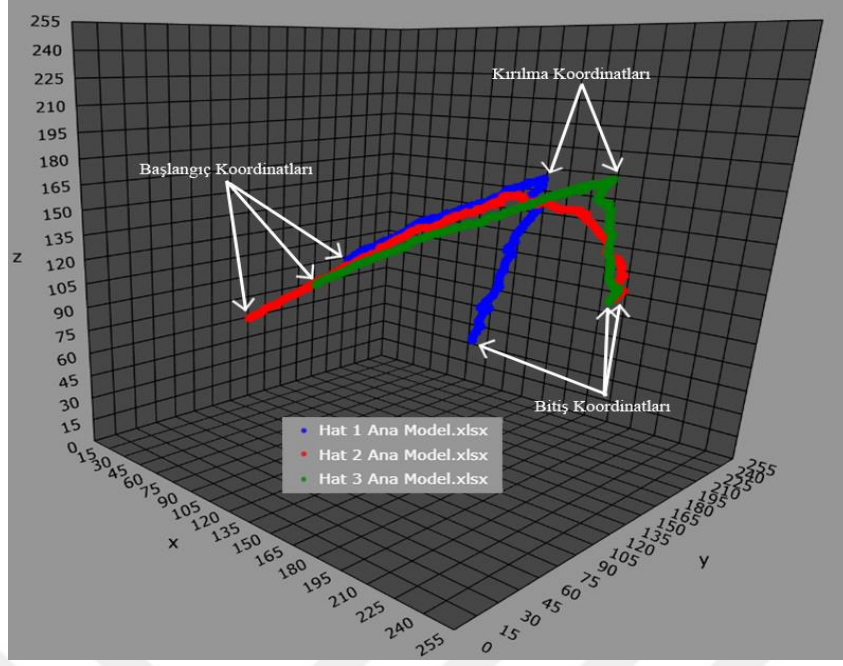
Sonuç itibariyle, minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerekleřtirilen 8 ıkarımın 1'i %95 doęruluk sınırının altında kalırken, rastgele orman regresyonu ile gerekleřtirilen 8 ıkarımın 2'si %95 doęruluk sınırının altında kaldı. Bu sebeple Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması daha fazla başarı gösterdi fakat oluřturulan minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile rastgele orman regresyonunun her ikisi de %95 toplam ıkarım doęruluk sınırını ařmayı bařardı (Tablo 4.3).

Tablo 4.7 Model At1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve rastgele orman regresyonu ile gerekleřtirilen hücre yoğunluęu ıkarım sonuçları

Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak, A2 numaralı kltr zerinde gerekleřtirilen hücre yoğunluęu tahminlerinin toplam doęruluęu	%97.15
Minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması kullanılarak, A3 numaralı kltr zerinde gerekleřtirilen hücre yoğunluęu tahminlerinin toplam doęruluęu	%96.22
Rastgele orman regresyonu kullanılarak, A2 numaralı kltr zerinde gerekleřtirilen hücre yoğunluęu tahminlerinin toplam doęruluęu	%97.03
Rastgele orman regresyonu kullanılarak, A3 numaralı kltr zerinde gerekleřtirilen hücre yoğunluęu tahminlerinin toplam doęruluęu	%96.32

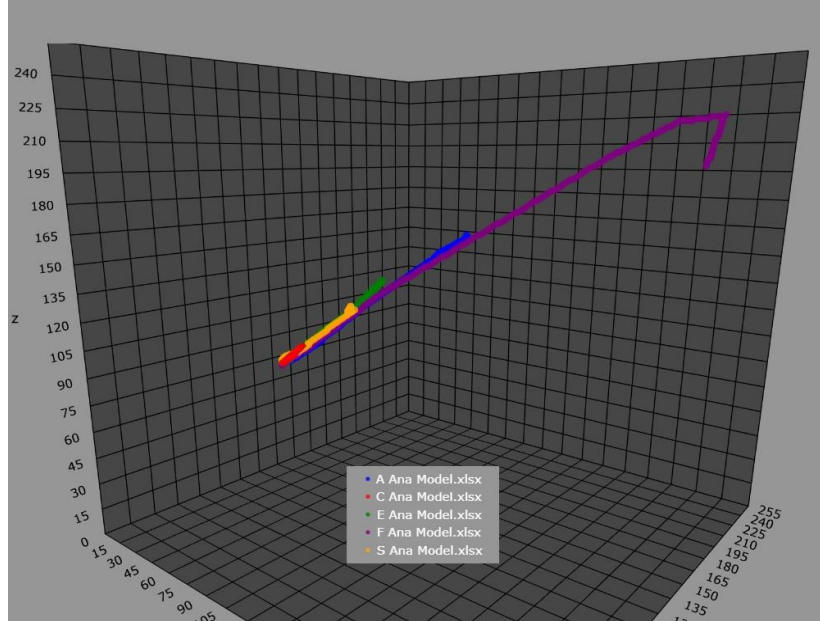
4.5 Modellerin 3 Boyutlu Haritama ile Karřılařtırılması

Hat1 Ana Model, Hat2 Ana Model ve Hat3 Ana Model'ler 3 boyutlu RGB renk uzayında haritalanarak karřılařtırma gerekleřtirildi (řekil 4.1). Her hücre hattının birbirinden farklı davranıřlar sergiledięi grld.



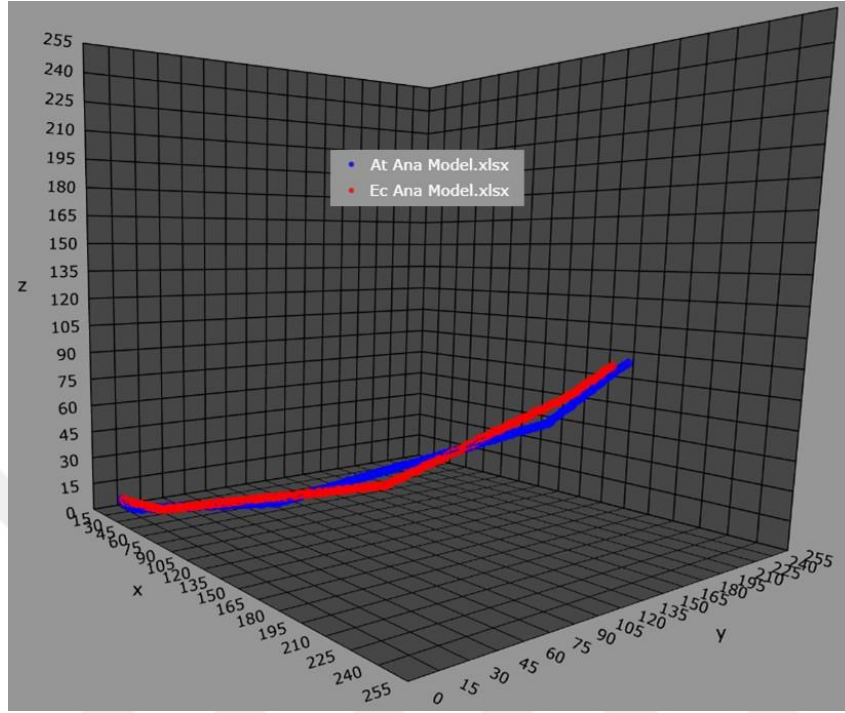
Şekil 4.1 Hat1 Ana Model, Hat2 Ana Model ve Hat3 Ana Model’lerinin karşılaştırılması

A Ana Model, C Ana Model, E Ana Model, F Ana Model ve S Ana Model’leri 3 boyutlu RGB renk uzayında haritalanarak karşılaştırma gerçekleştirildi (Şekil 4.2). 48 saatlik zaman aralığında her grubun birbirinden farklı hızlarda değişim geçirdiği görüldü.



Şekil 4.2 A Ana Model, C Ana Model, E Ana Model, F Ana Model ve S Ana Model’lerinin karşılaştırılması

Ec ve At Model'leri 3 boyutlu RGB renk uzayında haritalanarak karşılaştırma gerçekleştirildi (Şekil 4.3). 24 saatlik zaman aralığında benzer hızlarda değişim gösterdikleri geçirdiği görüldü.



Şekil 4.3 At Ana Model ile Ec Ana Model'lerinin karşılaştırılması

4.6 Tartışma ve Öneriler

Görüntülerin RGB karakterizasyonu dijital görüntüleme, bilgisayar görmesi, makine öğrenimi, tıbbi görüntüleme, uzaktan algılama ve kalite kontrolü gibi çeşitli alanlarda yaygın olarak kullanılmaktadır [63], [64], [65], [66]. Diğer alanlarda yaygın kullanımlarına rağmen süspansiyon kültürlerinin karakterizasyonlarında ve durum değerlendirmeleri için gerçekleştirilen az sayıda araştırma vardır [66].

Çalışmamızda gerçekleştirilen üç boyutlu RGB uzay düzleminde haritalama yöntemi ufak değişimlerin dahi algılanmasını ve hassasiyetin arttırılmasını sağlamıştır. Açık ortamlarda dışarıdan gelen ışık, nesneler üzerinde yansımalar, parlamalara, kontrast kayıplarına, beyaz dengesinin bozulmasına ve lens parlamasına neden olur [67], [78], [69]. Bu sebeplerle uzun süreli görüntü kayıtlarında farkların hassasiyet ile ölçülebilmesi için dış etkenlerden arındırılmış ortama ve görüntüyü kayında kullanılan kameranın kayıt parametrelerinin

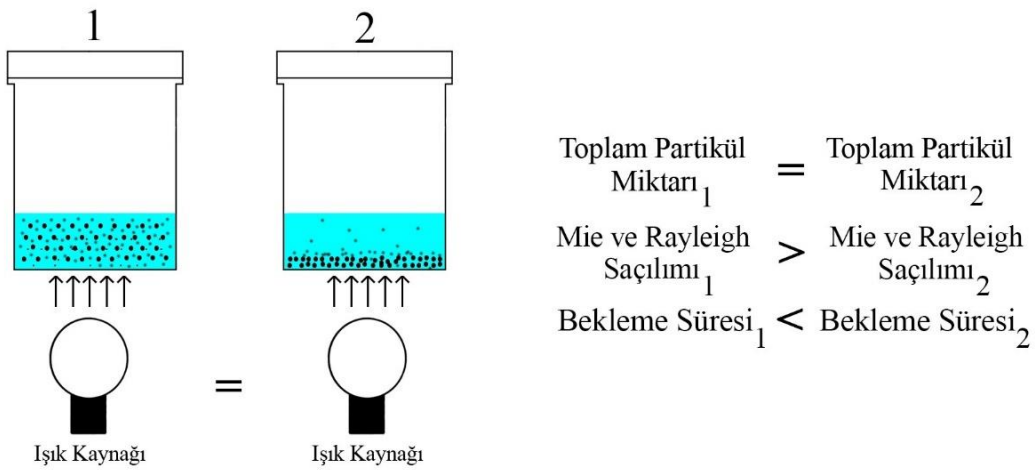
sabitlenmesi gerekmektedir. Haritalama gerçekleştirilirken hata payının minimize edilmesi için kayıt parametreleri sabitlenmiş ve kayıt ortamının dışarıdan herhangi bir ışık almasının önüne geçilmiştir. Bu kapalı kayıt ortamı sayesinde zaman içerisinde kayıt edilen görüntülerdeki yansımaların, parlamaların, kontrast kayıplarının ve renk bozulmalarının olması engellenmiştir.

Süspansiyon kültürleri, genel itibariyle herhangi bir kap içerisinde oluşturulabilir. Fakat kirlenmiş ve çizilmiş kapların kullanımı görüntü alma sırasında sorunlara yol açmaktadır [67]. Kapların kirlenmesi görüntüdeki renklerin bozulmalarına sebep olabilir ve hata payının artmasına sebep olabilir. Ayrıca kap üzerindeki büyük çizikler, ışığın düzensiz saçılmasına ve gölge etkisi oluşmasına sebep olur [69]. Bu etkilerin ve görüntü üzerindeki bozulmaların engellenmesi için temiz ve çizikler içermeyen kare magenta kapları tercih edildi. Kare magenta kaplarının tercih edilmesinin bir diğer sebebi, taranacak bölgenin her noktasının aynı derinliğe sahip olmasıdır. Bu sayede süspansiyonda bulunan hücrelerin, taranan bölgenin tamamına eşit fenotip etkisi oluşturması sağlandı.

Eşit fenotip etkilemesi ile hassasiyetin arttırılmasının en temel faydası insan gözünün zaman içerisinde renk algılama düzeylerinin değişmesidir [70]. İnsan retinasında bulunan koni hücrelerinin, yaşlanma sürecinde azalması ve işlev düşüklüğü sebebiyle zaman içerisinde görme hassasiyeti azalmakta ve mavi ile yeşil renklerin ayırt edilmesini zorlaştırır [71]. Bu sebeple görüntülerin kayıt altına alınması ve bilgisayar görmesi sayesinde, renkleri objektif ve tutarlı bir şekilde ölçülmesi ve fenotip görüntülerinin sayısallaştırılmasının kullanılması vasıtasıyla insan hatalarının önüne geçmesini sağlamıştır.

Süspansiyon kültürlerinde fenotipi ve görüntüyü etkileyen en temel parametrelerden biri kültür içerisinde bulunan hücrelerin asılı kalma durumlarıdır. *M.sativa* gibi bitki hücreleri, süspansiyon ortamından daha yoğun olması sebebiyle genellikle birkaç saniyeden daha fazla asılı kalmaz ve kabın dibine çöker [72]. Dip kısma çökmesi sonucunda, süspansiyon kültüründe bulunan hücreler homojen dağılmadığı için fenotipi daha az etkiler ve hatalı çıkarımlar ile sonuçlanır. Bu hatanın engellenmesi için görüntüler kayıt altına alınmadan önce süspansiyon kültürleri sallanarak hücrelerin homojen bir biçimde karışması sağlandı ve metot da belirtilen süreden daha fazla sabit bekletilmeden kayıt altına alındı.

Mie ve Rayleigh saçılmalarının biyolojik dokularda görüntü kalitesini etkileyen önemli unsurlardan olduğu kanıtlanmıştır. Küçük moleküller, Rayleigh saçılmalarına sebep olurken büyük moleküller Mie saçılmalarına sebep olur [73]. Metot da belirtilen bekleme süresine uyulması sayesinde ışık kaynağının hücreler üzerinde etkileşimi homojen bir biçimde sağlanarak Mie ve Rayleigh saçılmaları dengelendi. Saçılımların dengelenmesi sayesinde, süspansiyon kültürlerinde bulunan hücreler ve partiküllerin daha etkili bir biçimde görüntü üzerinde renk etkisi oluşturması sağlandı. Mie ve Rayleigh saçılım karşılaştırması Şekil 4.4'te gösterilmiştir.



Şekil 4.4 Mie ve Rayleigh saçılmalarının karşılaştırılması

Yapay sinir ağları, son yıllarda popülerlik kazanmış olan güçlü bir makine öğrenim yöntemlerinden biridir. Özellikle fazla eğitim verileriyle beraber eğitilmesi ile güçlü ve doğru çıkarımlar için ideal modeller üretilebilir [74]. Düşük veri miktarlarıyla eğitimi ise çeşitli sorunlara sebebiyet vermektedir. Düşük veri miktarlarıyla eğitimlerde, aşırı öğrenme, yetersiz genelleme, sınıflandırma dengesizliği ve özellik öğreniminin yetersiz kalması gibi sorunlara sebebiyet vermektedir [26], [75], [76], [19].

Gerçekleştirdiğimiz çıkarım sonuçlarına bakılacak olursa, oluşturulan yapay sinir ağı beklenen performansı göstermemektedir. büyüme eğrilerin tespiti için metinsel veriler ile eğitilen ve çıkarımları gerçekleştirilen 3 farklı modelin hiçbiri %95 toplam doğruluk sınırını aşamadı ve başarısız olarak değerlendirildi. Aşırı öğrenimin engellenmesi için epoch sayısının ve gizli katmandaki yapay nöron sayısının optimize edilmesine rağmen eğitim veri setlerinin az olması sebebiyle yapay sinir ağlarında yetersiz genelleme ve sınıflandırma dengesizliği

görülmektedir. Belirli verilere daha fazla hassasiyet göstermiş ve çıkarımlar tutarsızlaşmasına sebep olmuştur.

Rasgele orman regresyonu, topluluk tabanlı makine öğrenimi yöntemidir. Aşırı öğrenme konusunda yapay sinir ağlarından daha dirençli ve az miktarda veri setleriyle eğitimleri daha isabetli olduğu görülmüştür [77]. İşlemci üzerine daha az yük bindirir ve enerji kaynaklarını daha az tüketir, ayrıca yapay sinir ağlarından daha hızlı eğitilebilir [26]. Yüksek miktarlarda veri setleri ile eğitimlerde, ilişkilerin öğreniminde düşük performans göstermesine rağmen az miktarda veri setleri ile eğitimlerinde doğrusal olmayan ilişkileri anlayabildiği ve özellik öğrenimini daha yüksek başarıyla tamamlayabildiği görülmüştür [74].

Sayısal veriler ile eğitilen ve çıkarımları gerçekleştirilen 10 farklı rasgele orman regresyon modelinin 3'ü %95 toplam doğruluk sınırını aşarken, 7'si %95 toplam doğruluk sınırını aşamadı. Gerçekleştirilen 3 kuru biyokütle çıkarımında modellerin hepsi %95 toplam doğruluk sınırının altında kalırken, gerçekleştirilen 3 farklı hücre canlılık çıkarımının 1'i %95 toplam doğruluk sınırını aşabildi. Ayrıca gerçekleştirilen 4 farklı absorbans çıkarımının 2'si %95 toplam doğruluk sınırını aşmayı başardı. Bütün bunlara rağmen bütün modeller %90 toplam doğruluk sınırını aşarak yapay sinir ağlarından daha yüksek doğruluk gösterdi. Rastgele orman regresyonu ile eğitilen modeller ile gerçekleştirilen çıkarımlara bakılacak olursa, az miktar veri ile eğitilen yapay sinir ağlarından çok daha iyi bir performans gösterdiği görülmüştür.

Ağırlık skrolama yöntemleri, veri sınıflandırma problemlerinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Veri sınıfları üzerinde önem derecelerine göre farklı ağırların kullanılması özellikle dengesiz ve az miktarda bulunan veri setlerinin daha iyi öğrenimini sağlamaktadır [76], [78], [79], [80]. Sayısal ve metinsel veriler üzerinde kullanılan minimum mesafe ve ağırlıklı skrolama algoritması ile gerçekleştirilen çıkarımların hepsi %95 toplam doğruluk sınırını aşmayı başardı. Gerçekleştirilen biyokütle, canlılık, büyüme eğrisi ve absorbans çıkarımlarında en yüksek toplam doğruluk değeri, %98.04 ile büyüme eğrisi çıkarımlarında görüldü.

Kontaminasyon testlerinde kullanılan minimum mesafe ve ağırlıklı skrolama algoritması, değer çıkarımı yerine girdi görüntüsünün model verileri ile ne kadar uyduğuna test etmek için kullanılmıştır. Birleştirilmiş C1 modeli ile

gerçekleştirilen çıkarımlarda A3, E1, E2, E3, F1, F2 ve F3 numaralı süspansiyon kültürleri 18. saatte, A1, A2, S1, S2 ve S3 numaralı süspansiyon kültürleri ise 24. saatte model verileri ile uyuşma değerleri %95 altına düşmesi sebebiyle kontamine olduğu saptandı ve ilerleyen saatlerde uyuşma değerleri hızla düştüğü görüldü.

Birleştirilmiş C2 modeli ile gerçekleştirilen çıkarımlarda F1 numaralı süspansiyon kültürü 12. saatte, A1, A2, A3, E1, E2, E3, F2 ve F3 numaralı süspansiyon kültürleri 18. saatte, S1, S2 ve S3 numaralı süspansiyon kültürleri ise 24. saatte model verileri ile uyuşma değerleri %95 altına düşmesi sebebiyle kontamine olduğu saptandı ve ilerleyen saatlerde uyuşma değerleri hızla düştüğü görüldü.

Sonuç itibariyle birleştirilmiş C2 modeli, birleştirilmiş C1 modelinden daha yüksek kontaminasyon tespit başarısı yakaladı. Ayrıca minimum mesafe ve ağırlıklı skorum algoritması, az miktarda ve dengesiz veri setlerine en fazla uyum göstererek yapay sinir ağlarından ve rastgele orman regresyon modellerinden daha fazla başarıya ulaştığı görülmüştür.

Süspansiyon kültürlerinde hücre tipleri ve kültür ortamı birebir aynı olsa bile hücre davranışları farklılık gösterebilir. Aynı hücre hattı içerisinde bulunan hücreler arasındaki genetik farklılıklar hücrelerin büyüme hızlarını, fenotipik özellikleri, metabolik aktivitelerini ve davranışlarını büyük ölçüde değiştirebilir [81], [82]. Bu sebeple hücre hatlarının bütünsel olarak karşılaştırılması gerekir.

Hat1 Ana, Hat2 Ana ve Hat3 Ana modellerinin 78 gün boyunca sergiledikleri farklı davranışlar Şekil 4.1’de gösterilmektedir. Başlangıç hücre yoğunlukları ve canlılıklarının farklılık göstermesi sebebiyle farklı başlangıç koordinatlarına sahip oldukları görülmüştür. Hat1 ve Hat3 süspansiyon kültürlerinde kırılma noktaları bulunmaktadır. Kırılma noktaları, süspansiyon kültürlerinin ani olarak üremeyi durdurmasına ve ortamdaki besin maddelerinin bitmesi ile strese girmelerini göstermektedir. Hat2 süspansiyon kültürlerinde ise kırılma noktası bulunmamakta, bu sebeple ani strese girmedikleri ve hayat döngüsünün daha yavaş gerçekleştiği görülmektedir. Hat1 süspansiyon kültürlerinde kırılma sonrasında hücre canlılığı hızla düşmüş ve ortamda bulunan hücrelerin biyokütle açısından yüksek verime ulaşamadıkları görülmektedir. Hat2 ve Hat3 süspansiyon kültürleri birbirinden farklı davranışlar gösterse de bitiş koordinatları yakın olduğu görülmektedir.

C Ana, A Ana, E Ana, F Ana ve S Ana modellerini 48 saat boyunca sergiledikleri farklı davranışlar Şekil 4.2’de gösterilmektedir. C Ana Model’e göre en fazla farklılaşan model F Ana Model olurken en az farklılaşan grup ise S Ana Model oldu. *F.oxysporum*’un süspansiyon kültürü ortamında, diğer kontaminasyon kaynaklarına göre çok daha hızlı ürediği görülmektedir.

At Ana ve Ec Ana modellerini 24 saat boyunca sergiledikleri farklı davranışlar Şekil 4.3’te gösterilmektedir. 24 saat boyunca, At ana model ile Ec ana model benzer davranışlar göstermiştir. At Ana Model, 24. saatte daha yüksek absorbans değerinde olması sebebiyle daha fazla ilerleme katettiği görülmektedir.

Günümüzde süspansiyon kültürlerinin hız, maliyet, verim gibi avantajları sebebiyle biyoteknoloji, sağlık, gıda ve daha birçok alanda yaygın olarak kullanılmakta ve her geçen gün kullanım alanları artmaktadır [1], [83]. Yaygın kullanımının yanında kontaminasyon tehditlerine karşı açıktır ayrıca hücrelerin sıvı ortamda bulunmasından dolayı kontamine olan kültürlerin kurtarılamaması maddi olarak zarar ile sonuçlanır [84], [85], [86]. Süspansiyon kültürlerinin kalite kontrollerinin gerçekleştirilmesi için çeşitli analizlere tabi tutulmakta ve bu analizler için numunelerin alınması kontaminasyon risklerinin arttırmakla birlikte kültür ortamındaki hücrelerin strese girmesine sebep olabilir [87], [88]. Bu tez çalışmasında, süspansiyon kültürlerine müdahale etmeden sadece görüntüleri ile durum çıkarımlarının gerçekleştirilmesi ve risklerin engellenmesi amaçlanmıştır. Geliştirilen minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması, düşük miktarda veriler ile yapay sinir ağları ve rastgele orman regresyon analizlerinden daha yüksek çıkarım doğruluk sağlarken, görüntü kayıt ortamı maliyetinin düşük olması önemli avantajlar sağlamaktadır. Piksel yığınlarının analiz edilmesi, örüntü tanımları, kayıt ortamının ve görüntü kalitelerinin iyileştirilmesi gibi çeşitli geliştirmeler ile daha yüksek çıkarım doğruluklarına ulaşılabileceği yüksek olasılık olarak görülmektedir. Bu çalışma, süspansiyon kültürlerinin kalite kontrolü ve durum tespitinde alternatif bir sistem olarak sunulabilir.

- [1] F. M. Wurm, "Production of recombinant protein therapeutics in cultivated mammalian cells," *Nature Biotechnology*, vol. 22, no. 11, pp. 1393–1398, Nov. 2004. doi: 10.1038/nbt1026.
- [2] Y. Durocher, S. Perret, and A. Kamen, "High-level and high-throughput recombinant protein production by transient transfection of suspension-growing human 293-EBNA1 cells," *Nucleic Acids Research*, vol. 30, no. 2, p. E9, Jan. 2002. doi: 10.1093/nar/30.2.e9.
- [3] A. Capes-Davis and R. I. Freshney, *Freshney's culture of animal cells: A manual of basic technique and specialized applications*, 8th ed., R. J. Geraghty and R. W. Nims, Eds. Wiley Blackwell, 2021.
- [4] K. Orita, K. Sawada, R. Koyama, and Y. Ikegaya, "Deep learning-based quality control of cultured human-induced pluripotent stem cell-derived cardiomyocytes," *Journal of Pharmacological Sciences*, vol. 140, no. 4, pp. 313–316, Jul. 2019, doi: 10.1016/j.jphs.2019.04.008.
- [5] Y. Ibaraki, "Evaluation of plant suspension cultures by texture analysis," in *Plant Tissue Culture Engineering*, S. D. Gupta and Y. Ibaraki, Eds., vol. 6. Springer, 2008, pp. 65–79. doi: 10.1007/978-1-4020-3694-1_4.
- [6] Y. Ibaraki and K. Kenji, "Application of image analysis to plant cell suspension cultures," *Computers and Electronics in Agriculture*, vol. 30, no. 1–3, pp. 193–203, Jan. 2001, doi: 10.1016/S0168-1699(00)00140-3.
- [7] T. Young, "On the theory of light and colours," *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, vol. 92, pp. 12–48, 1802.
- [8] H. Helmholtz, *On the sensations of tone as a physiological basis for the theory of music*. Longmans, Green, and Co., 1852.
- [9] International Commission on Illumination, *Commission internationale de l'éclairage: Huitième session, Cambridge—Septembre 1931*. University Press, 1932.
- [10] J. D. Foley, A. van Dam, S. K. Feiner, and J. F. Hughes, *Computer Graphics: Principles and Practice*, 2nd ed. Addison-Wesley, 1996.
- [11] G. Wyszecki and W. S. Stiles, *Color Science: Concepts and Methods, Quantitative Data and Formulae*, 2nd ed. Wiley-Interscience, 2000.
- [12] D. C. Montgomery and G. C. Runger, *Applied Statistics and Probability for Engineers*, 5th ed. John Wiley & Sons, 2010.
- [13] H. Anton and C. Rorres, *Elementary Linear Algebra: Applications Version*, 11th ed. John Wiley & Sons, 2013.

- [14] J. D. Murray, *Mathematical Biology: I. An Introduction*, vol. 17. Springer Science & Business Media, 2007.
- [15] O. Gunay, C. E. Akbas, and A. E. Cetin, “Cosine similarity measure according to a convex cost function,” *arXiv preprint arXiv:1410.6093*, 2014.
- [16] G. Salton, A. Wong, and C. S. Yang, “A vector space model for automatic indexing,” *Communications of the ACM*, vol. 18, no. 11, pp. 613–620, Nov. 1975, doi: 10.1145/361219.361220.
- [17] T. Mikolov, K. Chen, G. Corrado, and J. Dean, “Efficient estimation of word representations in vector space,” *arXiv preprint arXiv:1301.3781*, 2013.
- [18] L. Breiman, “Random forests,” *Machine Learning*, vol. 45, pp. 5–32, 2001, doi: 10.1023/A:1010933404324.
- [19] Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, “Deep learning,” *Nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436–444, 2015, doi: 10.1038/nature14539.
- [20] P. F. Verhulst, *Recherches mathématiques sur la loi d'accroissement de la population*, vol. 18. Académie Royale de Bruxelles, 1844.
- [21] D. R. Cox, “The regression analysis of binary sequences,” *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)*, vol. 20, no. 2, pp. 215–232, 1958.
- [22] X. Glorot and Y. Bengio, “Understanding the difficulty of training deep feedforward neural networks,” in *Proceedings of the Thirteenth International Conference on Artificial Intelligence and Statistics*, JMLR Workshop and Conference Proceedings, vol. 9, pp. 249–256, 2010.
- [23] J. S. Bridle, “Probabilistic interpretation of feedforward classification network outputs, with relationships to statistical pattern recognition,” in *Neurocomputing*, F. F. Soulié and J. Héroult, Eds., NATO ASI Series, vol. 68, Berlin, Heidelberg: Springer, 1990, pp. 227–236, doi: 10.1007/978-3-642-76153-9_28.
- [24] C. M. Bishop and N. M. Nasrabadi, *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer, 2006. doi: 10.1007/978-0-387-31073-2.
- [25] S. Haykin, *Neural Networks: A Comprehensive Foundation*. Prentice Hall PTR, 1994.
- [26] I. Goodfellow, Y. Bengio, and A. Courville, *Deep Learning*. MIT Press, 2016.
- [27] Euclid, *Elements*, T. L. Heath, Trans. Dover Publications, 1956. (Original work published ca. 300 BCE)
- [28] C. C. Aggarwal, A. Hinneburg, and D. A. Keim, “On the surprising behavior of distance metrics in high dimensional space,” in *Database Theory — ICDT 2001*, J. Van den Bussche and V. Vianu, Eds., Lecture Notes in Computer Science, vol. 1973, Berlin, Heidelberg: Springer, 2001, pp. 420–434, doi: 10.1007/3-540-44503-X_27.
- [29] C. F. Bohren and D. R. Huffman, *Absorption and Scattering of Light by Small Particles*. John Wiley & Sons, 2008.

- [30] J. T. Kirk, *Light and Photosynthesis in Aquatic Ecosystems*, 3rd ed. Cambridge University Press, 1994.
- [31] D. J. Biswas, "Behavior of light," in *A Beginner's Guide to Lasers and Their Applications, Part 1: Insights into Laser Science*, Springer International Publishing, 2023, pp. 15–57.
- [32] Python Software Foundation, "Python releases for Windows," Version 24, 2021.
- [33] G. Van Rossum and F. L. Drake, *Python Tutorial*, Version X.X, Python Software Foundation, 2009.
- [34] S. Van Der Walt, S. C. Colbert, and G. Varoquaux, "The NumPy array: a structure for efficient numerical computation," *Computing in Science & Engineering*, vol. 13, no. 2, pp. 22–30, 2011, doi: 10.48550/arXiv.1102.1523.
- [35] W. McKinney, "pandas: a foundational Python library for data analysis and statistics," *Python for High Performance and Scientific Computing*, vol. 14, no. 9, pp. 1–9, 2011.
- [36] F. Pedregosa, G. Varoquaux, A. Gramfort, V. Michel, B. Thirion, O. Grisel, et al., "Scikit-learn: Machine learning in Python," *Journal of Machine Learning Research*, vol. 12, pp. 2825–2830, 2011.
- [37] P. Virtanen, R. Gommers, T. E. Oliphant, M. Haberland, T. Reddy, D. Cournapeau, et al., "SciPy 1.0: Fundamental algorithms for scientific computing in Python," *Nature Methods*, vol. 17, no. 3, pp. 261–272, 2020, doi: 10.1038/s41592-019-0686-2.
- [38] S. Gollapudi, "OpenCV with Python," in *Learn Computer Vision Using OpenCV: With Deep Learning CNNs and RNNs*, Berkeley, CA: Apress, 2019, pp. 31–50.
- [39] S. Raschka and V. Mirjalili, *Python Machine Learning: Machine Learning and Deep Learning with Python, scikit-learn, and TensorFlow 2*. Birmingham, UK: Packt Publishing Ltd., 2019.
- [40] E. Dabbas, *Interactive Dashboards and Data Apps with Plotly and Dash: Harness the Power of a Fully Fledged Frontend Web Framework in Python—No JavaScript Required*. Birmingham, UK: Packt Publishing Ltd., 2021.
- [41] H. Seetha, V. Tiwari, K. R. Anugu, D. S. Makka, ve D. R. Karnati, "A GUI based application for PDF processing tools using Python & customTkinter," *International Journal of Research in Applied Science and Engineering Technology*, cilt. 11, no. 1, ss. 1613–1618, 2023, doi: 10.22214/ijraset.2023.48848.
- [42] A. H. Sial, S. Y. S. Rashdi, ve A. H. Khan, "Comparative analysis of data visualization libraries Matplotlib and Seaborn in Python," *Journal of Multimedia Information System*, cilt. 26, no. 4, ss. 167–172, 2021, doi: 10.30534/ijatcse/2021/391012021.
- [43] K. Jolly, *Hands-on data visualization with Bokeh: Interactive web plotting for Python using Bokeh*. Packt Publishing Ltd, 2018.

- [44] R. Zweigerdt, "Large scale production of stem cells and their derivatives," *Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology*, vol. 114, pp. 201–235, 2009, doi: 10.1007/10_2008_27.
- [45] D. Eibl and R. Eibl, "Single-use equipment in biopharmaceutical manufacture," in *Single-use technology in biopharmaceutical manufacture*, R. Eibl and D. Eibl, Eds. John Wiley & Sons, 2019. doi: 10.1002/9781119477891.ch1.
- [46] J. M. Davis, Ed., *Animal cell culture: Essential methods*. John Wiley & Sons, 2011.
- [47] S. Austin, E. T. Bingham, D. E. Mathews, M. N. Shahan, J. Will, ve R. R. Burgess, "Production and field performance of transgenic alfalfa (*Medicago sativa* L.) expressing alpha-amylase and manganese-dependent lignin peroxidase," *The Methodology of Plant Genetic Manipulation: Criteria for Decision Making: Proceedings of the Eucarpia Plant Genetic Manipulation Section Meeting held at Cork, Ireland from September 11 to September 14, 1994*, pp. 381–393, Springer Netherlands, 1995.
- [48] B. S. Dien, H. J. G. Jung, K. P. Vogel, M. D. Casler, J. F. Lamb, ve L. Iten, "Chemical composition and response to dilute-acid pretreatment and enzymatic saccharification of alfalfa, reed canarygrass, and switchgrass," *Biomass and Bioenergy*, cilt. 30, sayı 10, ss. 880–891, 2006, doi: 10.1016/j.biombioe.2006.02.004.
- [49] H. Khoudi, S. Laberge, J. M. Ferullo, R. Bazin, A. Darveau, Y. Castonguay, G. Allard, R. Lemieux, ve L. P. Vézina, "Production of a diagnostic monoclonal antibody in perennial alfalfa plants," *Biotechnology and Bioengineering*, cilt. 64, sayı 2, ss. 135–143, 1999, doi: 10.1002/(sici)1097-0290(19990720)64:2<135::aid-bit2>3.0.co;2-q.
- [50] M. Farooq, N. Gogoi, M. Hussain, S. Barthakur, S. Paul, N. Bharadwaj, H. M. Migdadi, S. S. Alghamdi ve K. H. M. Siddique, "Effects, tolerance mechanisms and management of salt stress in grain legumes," *Plant Physiology and Biochemistry*, cilt. 118, ss. 199–217, 2017, doi: 10.1016/j.plaphy.2017.06.020.
- [51] E. Pilon-Smits, "Phytoremediation," *Annual Review of Plant Biology*, vol. 56, pp. 15–39, 2005, doi: 10.1146/annurev.arplant.56.032604.144214.
- [52] D. V. Goeddel, D. G. Kleid, F. Bolivar, H. L. Heyneker, D. G. Yansura, R. Crea, T. Hirose, A. Kraszewski, K. Itakura, ve A. D. Riggs, "Expression in *Escherichia coli* of chemically synthesized genes for human insulin," *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, cilt. 76, no. 1, ss. 106–110, 1979, doi: 10.1073/pnas.76.1.106.
- [53] J. D. Keasling, "Manufacturing molecules through metabolic engineering," *Science*, vol. 330, no. 6009, pp. 1355–1358, 2010, doi: 10.1126/science.1193990.
- [54] W. Jiang, D. Bikard, D. Cox, F. Zhang, ve L. A. Marraffini, "RNA-guided editing of bacterial genomes using CRISPR-Cas systems," *Nature Biotechnology*, cilt. 31, no. 3, ss. 233–239, 2013, doi: 10.1038/nbt.2508.

- [55] S. B. Gelvin, "Agrobacterium-mediated plant transformation: the biology behind the 'gene-jockeying' tool," *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, vol. 67, no. 1, pp. 16–37, 2003, doi: 10.1128/MMBR.67.1.16-37.2003.
- [56] X. Ye, S. Al-Babili, A. Klöti, J. Zhang, P. Lucca, P. Beyer, ve I. Potrykus, "Engineering the provitamin A (beta-carotene) biosynthetic pathway into (carotenoid-free) rice endosperm," *Science*, cilt. 287, no. 5451, ss. 303–305, 2000, doi: 10.1126/science.287.5451.303.
- [57] Y. Thanavala, M. Mahoney, S. Pal, A. Scott, L. Richter, N. Natarajan, P. Goodwin, C. J. Arntzen, ve H. S. Mason, "Immunogenicity in humans of an edible vaccine for hepatitis B," *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, cilt. 102, no. 9, ss. 3378–3382, 2005, doi: 10.1073/pnas.0409899102.
- [58] J. F. Li, J. E. Norville, J. Aach, M. McCormack, D. Zhang, J. Bush, G. M. Church, ve J. Sheen, "Multiplex and homologous recombination-mediated genome editing in Arabidopsis and Nicotiana benthamiana using guide RNA and Cas9," *Nat. Biotechnol.*, cilt. 31, no. 8, ss. 688–691, 2013, doi: 10.1038/nbt.2654.
- [59] C. Alabouvette, C. Olivain, ve C. Steinberg, "Biological control of plant diseases: The European situation," *Eur. J. Plant Pathol.*, cilt. 114, no. 3, ss. 329–341, 2006, doi: 10.1007/s10658-005-0233-0.
- [60] A. Sørensen, M. Lübeck, P. S. Lübeck, ve B. K. Ahring, "Fungal Beta-glucosidases: a bottleneck in industrial use of lignocellulosic materials," *Biomolecules*, cilt. 3, no. 3, ss. 612–631, 2013, doi: 10.3390/biom3030612.
- [61] V. C. Verma, S. K. Singh, ve S. Prakash, "Bio-control and plant growth promotion potential of siderophore producing endophytic *Streptomyces* from *Azadirachta indica* A. Juss," *J. Basic Microbiol.*, cilt. 51, no. 5, ss. 550–556, 2011, doi: 10.1002/jobm.201000155.
- [62] T. Murashige ve F. Skoog, "A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures," *Physiol. Plant.*, cilt. 15, no. 3, ss. 473–497, 1962, doi: 10.1111/j.1399-3054.1962.tb08052.x.
- [63] N. Jaccard, L. D. Griffin, A. Keser, R. J. Macown, A. Super, F. S. Veraitch, ve N. Szita, "Automated method for the rapid and precise estimation of adherent cell culture characteristics from phase contrast microscopy images," *Biotechnol. Bioeng.*, cilt. 111, no. 3, ss. 504–517, 2014, doi: 10.1002/bit.25115.
- [64] C. Sommer ve D. W. Gerlich, "Machine learning in cell biology - teaching computers to recognize phenotypes," *J. Cell Sci.*, cilt. 126, no. Pt 24, ss. 5529–5539, 2013, doi: 10.1242/jcs.123604.
- [65] D. B. Murphy, *Fundamentals of Light Microscopy and Electronic Imaging*. Wiley-Liss, 2001.
- [66] D. L. Galata, L. A. Mészáros, N. Kállai Szabó, E. Szabó, H. Pataki, G. Marosi, ve Z. K. Nagy, "Applications of machine vision in pharmaceutical technology: A review," *Eur. J. Pharm. Sci.*, cilt. 159, Makale 105717, 2021, doi: 10.1016/j.ejps.2021.105717.

- [67] E. Reinhard, *High Dynamic Range Imaging: Acquisition, Display, and Image-Based Lighting*, 2. baskı. Morgan Kaufmann, 2010.
- [68] R. Jacobson, S. Ray, G. G. Attridge, ve N. Axford, *Manual of Photography*, 9. baskı. Routledge, 2000, doi: 10.4324/9780080510965.
- [69] F. Hunter, S. Biver, P. Fuqua, ve R. Reid, *Light—Science & Magic: An Introduction to Photographic Lighting*, 6. baskı. Routledge, 2021, doi: 10.4324/9781003016502.
- [70] J. Pokorny, V. C. Smith, ve M. Lutze, “Aging of the human lens,” *Appl. Opt.*, cilt. 26, no. 8, ss. 1437–1440, 1987, doi: 10.1364/AO.26.001437.
- [71] J. S. Werner ve V. G. Steele, “Sensitivity of human foveal color mechanisms throughout the life span,” *J. Opt. Soc. Am. A*, cilt. 5, no. 12, ss. 2122–2130, 1988, doi: 10.1364/josaa.5.002122.
- [72] S. Ozturk ve W. S. Hu, Eds., *Cell Culture Technology for Pharmaceutical and Cell-Based Therapies*. CRC Press, 2005, doi: 10.1201/9780849351068.
- [73] V. V. Tuchin, *Tissue Optics: Light Scattering Methods and Instruments for Medical Diagnosis*, cilt. 13. SPIE Press, 2000, doi: 10.1117/3.684093.
- [74] C. Zhang, S. Bengio, M. Hardt, B. Recht, ve O. Vinyals, “Understanding deep learning requires rethinking generalization,” *Int. Conf. Learn. Representations (ICLR)*, 2017.
- [75] T. Hastie, R. Tibshirani, ve J. Friedman, *The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction*, 2. baskı. Springer, 2009, doi: 10.1007/978-0-387-84858-7.
- [76] H. He ve E. A. Garcia, “Learning from imbalanced data,” *IEEE Trans. Knowl. Data Eng.*, cilt. 21, no. 9, ss. 1263–1284, 2009, doi: 10.1109/TKDE.2008.239.
- [77] C. Molnar, *Interpretable Machine Learning: A Guide for Making Black Box Models Explainable*, 2020.
- [78] I. Guyon ve A. Elisseeff, “An introduction to variable and feature selection,” *J. Mach. Learn. Res.*, cilt. 3, ss. 1157–1182, 2003, doi: 10.1162/153244303322753616.
- [79] C. P. Elkan, “The foundations of cost-sensitive learning,” *Int. Joint Conf. Artif. Intell. (IJCAI)*, 2001.
- [80] J. Gama, I. Žliobaitė, A. Bifet, M. Pechenizkiy, ve A. Bouchachia, “A survey on concept drift adaptation,” *ACM Comput. Surv.*, cilt. 46, no. 4, Makale 44, 2014, doi: 10.1145/2523813.
- [81] B. Snijder ve L. Pelkmans, “Origins of regulated cell-to-cell variability,” *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.*, cilt. 12, no. 2, ss. 119–125, 2011, doi: 10.1038/nrm3044.
- [82] S. J. Altschuler ve L. F. Wu, “Cellular heterogeneity: Do differences make a difference?” *Cell*, cilt. 141, no. 4, ss. 559–563, 2010, doi: 10.1016/j.cell.2010.04.033.

- [83] P. N. Barrett, W. Mundt, O. Kistner, ve M. K. Howard, “Vero cell platform in vaccine production: Moving towards cell culture-based viral vaccines,” *Expert Rev. Vaccines*, cilt. 8, no. 5, ss. 607–618, 2009, doi: 10.1586/erv.09.29.
- [84] C. K. Lincoln ve M. G. Gabridge, “Cell culture contamination: sources, consequences, prevention, and elimination,” *Methods Cell Biol.*, cilt. 57, ss. 49–65, 1998, doi: 10.1016/s0091-679x(08)61571-x.
- [85] P. W. Barone, M. E. Wiebe, ve J. C. Leung, “Viral contamination in biologic manufacture and implications for emerging therapies,” *Nat. Biotechnol.*, cilt. 38, no. 5, ss. 563–572, 2020, doi: 10.1038/s41587-020-0475-7.
- [86] H. G. Drexler ve C. C. Uphoff, “Mycoplasma contamination of cell cultures: Incidence, sources, effects, detection, elimination, prevention,” *Cytotechnology*, cilt. 39, no. 2, ss. 75–90, 2002, doi: 10.1023/A:1023672722587.
- [87] A. Capes-Davis, G. Theodosopoulos, I. Atkin, H. G. Drexler, A. Kohara, R. A. MacLeod, ... ve R. I. Freshney, “Check your cultures! A list of cross-contaminated or misidentified cell lines,” *Int. J. Cancer*, cilt. 127, no. 1, ss. 1–8, 2010, doi: 10.1002/ijc.25242.
- [88] Y. Chisti, “Hydrodynamic damage to animal cells in bioreactors,” *Trends Biotechnol.*, cilt. 19, no. 10, ss. 420–432, 2001, doi: 10.1016/S0167-7799(01)01799-3.

DETAYLI ÇIKARIM SONUÇLARI

Tablo A.1 Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	2 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Kuru Biyokütle Ölçüm Değeri(mg)	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritmasının Çıkarım Değer Aralığı	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritmasının Çıkarım Değer Ortalaması	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	83.1	88.18-89.91	89.045	92.85
8	124.7	122.9-123.7	123.3	98.88
15	145.7	148.44-148.62	148.53	98.06
22	167.6	164.1-164.3	164.2	97.97
29	199.4	195.36-196.26	195.81	98.2
36	208.7	203.8-205.54	204.67	98.07
43	209.4	204.2-205.15	204.675	97.74
50	222.6	217.22-219.83	218.525	98.17
57	219.5	217.61-222.97	220.29	99.64

64	225.6	220.25-222.43	221.34	98.11
71	224.2	218.08-219.21	218.645	97.52
78	221.6	220.03-221.44	220.735	99.61
Model 1'in Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:				97.9

Tablo A.2 Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	2 Numaralı Süspansiyon Kültürü Hücre Canlılığı Ölçüm Değeri(%)	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritmasının Çıkarım Değer Aralığı	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritmasının Çıkarım Değer Aralığı Ortalaması	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	79.67	78.60-80.06	79.33	99.57
8	78	78.53-79.04	78.79	98.99
15	77.67	77.55-77.65	77.6	99.91
22	78	76.68-76.77	76.725	98.37
29	72	72.37-72.71	72.54	99.25
36	70	72.38-73	72.69	96.16
43	69.33	72.52-72.86	72.69	95.15

50	69.33	70.88-71.73	71.31	97.14
57	63.33	64.97-66.56	65.765	96.16
64	60.67	62.17-62.79	62.48	97.02
71	56	57.44-57.73	57.58	97.18
78	41	36.45-36.68	36.565	89.18
Model 1'in Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:				97.01

Tablo A.3 Model 1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	2 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Kuru Biyokütle Ölçüm Değeri(mg)	Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	83.1	116.34	60
8	124.7	155.47	75.32
15	145.7	159.52	90.51
22	167.6	174.27	96.02
29	199.4	202.85	98.27
36	208.7	213.41	97.74
43	209.4	210.85	99.31

50	222.6	214.88	96.53
57	219.5	200.31	91.26
64	225.6	208.62	92.47
71	224.2	214.28	95.58
78	221.6	213.77	96.47
Model 1'in Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			90.78

Tablo A.4 Model 1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	2 Numaralı Süspansiyon Canlılığı Ölçüm Değeri(%)	Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	79.67	73.58	92.36
8	78	70.41	90.27
15	77.67	73.79	95
22	78	74.11	95.01
29	72	71.14	98.81
36	70	65.24	93.2
43	69.33	65.5	94.48

50	69.33	71.92	96.26
57	63.33	67.45	93.49
64	60.67	64.37	93.9
71	56	62.12	89.07
78	41	40.39	98.51
Model 1'in Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			94.2

Tablo A.5 Model 1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skortlama algoritması ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen büyüme eğrisi çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	2 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Bulunduğu Evre	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skortlama Algoritmasının Çıkarım Değeri	Yapay Sinir Ağırlarının Çıkarım Değeri
1	Üreme	Üreme	Ölüm
3	Üreme	Üreme	Ölüm
5	Üreme	Üreme	Ölüm
7	Üreme	Üreme	Ölüm
9	Üreme	Üreme	Ölüm
11	Üreme	Üreme	Ölüm
13	Üreme	Üreme	Ölüm

15	Üreme	Üreme	Ölüm
17	Üreme	Üreme	Durağan
19	Üreme	Üreme	Ölüm
21	Üreme	Üreme	Ölüm
23	Üreme	Üreme	Ölüm
25	Üreme	Üreme	Durağan
27	Üreme	Üreme	Ölüm
29	Üreme	Durağan	Ölüm
36	Durağan	Durağan	Ölüm
38	Durağan	Durağan	Ölüm
40	Durağan	Durağan	Ölüm
42	Durağan	Durağan	Üreme
44	Durağan	Durağan	Ölüm
46	Durağan	Durağan	Ölüm
48	Durağan	Durağan	Ölüm
50	Durağan	Durağan	Ölüm
57	Ölüm	Ölüm	Ölüm

59	Ölüm	Ölüm	Ölüm
61	Ölüm	Ölüm	Ölüm
63	Ölüm	Ölüm	Ölüm
65	Ölüm	Ölüm	Ölüm
67	Ölüm	Ölüm	Ölüm
69	Ölüm	Ölüm	Ölüm
71	Ölüm	Ölüm	Ölüm
73	Ölüm	Ölüm	Ölüm
75	Ölüm	Ölüm	Ölüm
77	Ölüm	Ölüm	Ölüm
Model 1'in Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması ile Yüzdesel Çıkarım Doğruluğu:			%97.06
Model 1'in Yapay Sinir Ağı ile Yüzdesel Çıkarım Doğruluğu:			%32.35

Tablo A.6 Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	4 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Kuru Biyokütle Ölçüm Değeri(mg)	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritmasının Çıkarım Değer Aralığı	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritmasının Çıkarım Değer Ortalaması	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	61.4	59.15-59.68	59.415	96.77
8	78.6	78.83-79.26	79.045	99.43
15	117.8	113.9-114.55	114.225	96.97
22	130.9	131.18-132.6	131.89	99.24
29	152.6	147.27-149.62	148.445	97.28
36	169.2	169.98-172.72	171.35	98.73
43	205.4	211.57-221.63	216.6	94.55
50	230.6	222.59-228.01	225.3	97.7
57	241.5	225.1-235.09	230.095	95.28
64	250.2	245.81-249.31	247.56	98.94
71	246.1	250.81-250.93	250.87	98.06

78	248.2	250.61-251.96	251.285	98.76
Model 2'nin Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:				97.64

Tablo A.7 Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	4 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Hücre Canlılığı Ölçüm Değeri(%)	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritmasının Çıkarım Değer Aralığı	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritmasının Çıkarım Değer Ortalaması	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	88.67	90.08-90.89	90.485	97.95
8	89.67	90.94-91.43	91.185	98.31
15	91.67	90.99-91.51	91.25	99.54
22	87.67	89.99-90.96	90.475	96.8
29	86.66	89.43-90.86	90.15	95.97
36	88.67	89.92-91.36	90.64	97.78
43	87	88.89-93.11	91	95.4
50	85	86.94-89.06	88	96.47
57	82.33	83.84-87.57	85.705	95.9

64	75.33	76.34-77.43	76.885	97.94
71	63.66	69.35-69.39	69.37	91.03
78	61.5	64.38-64.73	64.555	95.03
Model 2'nin Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:				96.51

Tablo A.8 Model 2'nin rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	4 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Kuru Biyokütle Ölçüm Değeri(mg)	Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	61.4	59.09	96.24
8	78.6	104.18	67.46
15	117.8	118.27	99.60
22	130.9	143.18	90.62
29	152.6	160.1	95.09
36	169.2	167.51	99
43	205.4	212.82	96.39
50	230.6	226.1	98.05
57	241.5	236.44	97.9

64	250.2	245.72	98.21
71	246.1	238.30	96.83
78	248.2	243.38	98.06
Model 2'nin Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			94.45

Tablo A.9 Model 2'nin rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	4 Numaralı Süspansiyon Canlılığı Ölçüm Değeri(%)	Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	88.67	90.48	97.96
8	89.67	85.33	95.16
15	91.67	88.99	97.08
22	87.67	86.92	99.14
29	86.66	89.92	96.24
36	88.67	87.77	98.99
43	87	89.07	97.62
50	85	87.55	97
57	82.33	82.34	99.99

64	75.33	74.67	99.12
71	63.66	74.44	83.07
78	61.33	67.85	89.37
Model 2'nin Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			95.89

Tablo A.10 Model 2'nin minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen büyüme eğrisi çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	4 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Bulunduğu Evre	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritmasının Çıkarım Değeri	Yapay Sinir Ağırlarının Çıkarım Değeri
1	Üreme	Üreme	Üreme
3	Üreme	Üreme	Üreme
5	Üreme	Üreme	Üreme
7	Üreme	Üreme	Üreme
9	Üreme	Üreme	Üreme
11	Üreme	Üreme	Üreme
13	Üreme	Üreme	Üreme
15	Üreme	Üreme	Üreme
17	Üreme	Üreme	Üreme

19	Üreme	Üreme	Durağan
21	Üreme	Üreme	Üreme
23	Üreme	Üreme	Üreme
25	Üreme	Üreme	Durağan
27	Üreme	Üreme	Üreme
29	Üreme	Üreme	Durağan
31	Üreme	Üreme	Üreme
33	Üreme	Üreme	Üreme
35	Üreme	Üreme	Üreme
37	Üreme	Üreme	Üreme
39	Üreme	Üreme	Üreme
41	Üreme	Üreme	Üreme
43	Üreme	Üreme	Üreme
50	Durağan	Durağan	Üreme
52	Durağan	Durağan	Üreme
54	Durağan	Durağan	Üreme
56	Durağan	Durağan	Üreme

58	Durağan	Durağan	Durağan
60	Durağan	Durağan	Üreme
62	Durağan	Durağan	Üreme
64	Durağan	Durağan	Üreme
71	Ölüm	Ölüm	Üreme
73	Ölüm	Ölüm	Üreme
75	Ölüm	Ölüm	Üreme
77	Ölüm	Ölüm	Üreme
Model 2'nin Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması ile Yüzdesel Çıkarım Doğruluğu:			%100
Model 2'nin Yapay Sinir Ağı ile Yüzdesel Çıkarım Doğruluğu:			%58.82

Tablo A.11 Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skorlama algoritması ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	6 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Kuru Biyokütle Ölçüm Değeri(mg)	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritmasının Çıkarım Değer Aralığı	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritmasının Çıkarım Değer Ortalaması	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	63.2	66.084-80.17	73.13	84.29

8	110.4	115.59-116.23	115.91	95.01
15	167.4	159.79-161.77	160.78	96.05
22	182.6	177.86-178.06	177.96	97.46
29	202.1	205.05-205.24	205.145	98.49
36	204.7	207.91-208.21	208.06	98.36
43	264.3	257.97-258.02	257.995	97.61
50	265.1	259.77-261.01	260.39	98.22
57	255.2	256.47-263.02	259.745	98.22
64	261.1	251.76-264.09	257.925	98.78
71	257.9	250.36-265.19	257.775	99.95
78	245.6	250.94-261.93	256.435	95.59
Model 3'ün Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritması ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:				96.5

Tablo A.12 Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	6 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Hücre Canlılığı Ölçüm Değeri(%)	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritmasının Çıkarım Değer Aralığı	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritmasının Çıkarım Değer Ortalaması	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	89	81.96-99.36	90.66	98.13
8	89.67	90.3-90.8	90.55	99.02
15	92.67	90.50-91.66	91.08	98.28
22	90.67	90.47-90.57	90.52	99.83
29	87.67	89.69-89.76	89.725	97.66
36	87.33	89.78-89.91	89.845	97.12
43	86	88.54-88.55	88.545	97.04
50	85	87.65-88.07	87.86	96.64
57	83.33	83.99-86.13	85.06	97.92
64	70	72.30-75.84	74.07	94.19
71	62.67	65.63-69.51	67.57	92.18

78	58.67	59.98-62.60	61.29	95.53
Model 3'ün Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:				96.96

Tablo A.13 Model 3'ün rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen kuru biyokütle çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	6 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Kuru Biyokütle Ölçüm Değeri(mg)	Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	63.2	92.92	52.97
8	110.3	118.39	92.67
15	167.4	163.99	97.96
22	182.6	185.88	98.2
29	202.1	214.79	93.72
36	204.7	210.23	97.3
43	264.3	251.69	95.23
50	265.1	259.36	97.83
57	255.2	247.62	97.03
64	261.1	255.23	97.75
71	257.9	242.18	93.9

78	245.6	225.12	91.66
Model 3'ün Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			92.19

Tablo A.14 Model 3'ün rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre canlılığı çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	6 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Hücre Canlılığı Ölçüm Değeri(%)	Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri	Çıkarım Doğruluğu(%)
1	89	84.56	95.01
8	89.67	86.85	96.86
15	92.67	90.45	97.6
22	90.67	89.04	98.2
29	87.67	81.73	93.22
36	87.33	84.59	96.86
43	86	88.08	97.58
50	85	85.97	98.86
57	83.33	81.99	98.39
64	70	78.52	87.83
71	62.67	67.95	91.57

78	58.67	67.71	84.59
Model 3'ün Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			94.71

Tablo A.15 Model 3'ün minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ve yapay sinir ağırları ile gerçekleştirilen büyüme eğrisi çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Gün)	6 Numaralı Süspansiyon Kültürünün Bulunduğu Evre	Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skarlama Algoritmasının Çıkarım Değeri	Yapay Sinir Ağırlarının Çıkarım Değeri
1	Üreme	Üreme	Üreme
3	Üreme	Üreme	Üreme
5	Üreme	Üreme	Üreme
7	Üreme	Üreme	Üreme
9	Üreme	Üreme	Üreme
11	Üreme	Üreme	Üreme
13	Üreme	Üreme	Üreme
15	Üreme	Üreme	Üreme
17	Üreme	Üreme	Üreme
19	Üreme	Üreme	Üreme
21	Üreme	Üreme	Üreme

23	Üreme	Üreme	Üreme
25	Üreme	Üreme	Üreme
27	Üreme	Üreme	Durağan
29	Üreme	Üreme	Üreme
31	Üreme	Üreme	Üreme
33	Üreme	Üreme	Durağan
35	Üreme	Üreme	Üreme
43	Durağan	Durağan	Üreme
45	Durağan	Durağan	Üreme
47	Durağan	Durağan	Üreme
49	Durağan	Durağan	Üreme
51	Durağan	Durağan	Ölüm
53	Durağan	Durağan	Üreme
55	Durağan	Durağan	Üreme
57	Durağan	Durağan	Üreme
64	Ölüm	Durağan	Üreme
66	Ölüm	Ölüm	Üreme

68	Ölüm	Ölüm	Üreme
70	Ölüm	Ölüm	Üreme
72	Ölüm	Ölüm	Üreme
74	Ölüm	Ölüm	Üreme
76	Ölüm	Ölüm	Üreme
78	Ölüm	Ölüm	Üreme
Model 3'ün Minimum Mesafe ve Ağırlıklı Skorlama Algoritması ile Yüzdesel Çıkarım Doğruluğu:			%97.06
Model 3'ün Yapay Sinir Ağı ile Yüzdesel Çıkarım Doğruluğu:			%50

Tablo A.16 Birleştirilmiş C1 modelinin *A.tumefaciens* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri

Görüntü Zamanları (Saat)	A1 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	A2 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	A3 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)
0	99.51	100	99.53
6	99.26	99.59	99.67
12	99.52	99.35	99.99

18	95.49	96.47	93.67
24	77.81	76.66	74.25
30	68.27	64.22	65.34
36	66.53	63.11	62.05
42	63.41	58.58	59.25
48	63.05	58.2	58.68

Tablo A.17 Birleştirilmiş C1 modelinin *E.coli* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri

Görüntü Zamanları (Saat)	E1 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	E2 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	E3 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)
0	100	100	99.91
6	99.59	99.5	99.42
12	99.6	100	100
18	81.50	89.26	85.05
24	76.27	82.17	83.43
30	71.44	76.81	74.78

36	70.87	76.14	80.05
42	69.92	74.99	75.36
48	69.74	74.3	73.91

Tablo A.18 Birleştirilmiş C1 modelinin *F.oxysporum* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri

Görüntü Zamanları (Saat)	F1 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	F2 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	F3 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)
0	100	97.51	96.77
6	99.5	99.5	99.67
12	95.42	98.33	99.69
18	73.21	72.65	77.09
24	44.56	44.05	45.11
30	40.06	39.86	39.89
36	37.85	37.88	37.79
42	39.1	39.50	40.27
48	39.27	39.85	41.79

Tablo A.19 Birleştirilmiş C1 modelinin *Saliva* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri

Görüntü Zamanları (Saat)	S1 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	S2 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	S3 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C1 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)
0	98.01	99.5	98.5
6	99.32	99.32	98.92
12	99.61	99.61	99.06
18	99.32	99.32	99.53
24	85.13	84.82	83
30	81.66	83.7	82.42
36	85.00	83.65	82.68
42	82.31	81.91	82.68
48	83.88	82	82.83

Tablo A.20 Birleştirilmiş C2 modelinin *A.tumefaciens* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri

Görüntü Zamanları (Saat)	A1 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	A2 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	A3 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)
0	99.51	99.75	99.28
6	99.26	99.51	99.53
12	99.52	99.35	99.53
18	92.89	94.83	92.08
24	76.44	75.33	72.96
30	67.06	63.08	64.19
36	65.34	61.99	60.96
42	62.26	57.53	58.19
48	61.85	57.15	57.65

Tablo A.21 Birleştirilmiş C2 modelinin *E.coli* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri

Görüntü Zamanları (Saat)	E1 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	E2 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	E3 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)
0	100	99.75	99.51
6	99.16	99.5	99.91
12	99.2	100	98.39
18	80.13	87.73	83.61
24	74.98	80.76	82.01
30	70.23	75.5	73.51
36	69.66	74.84	78.69
42	68.73	73.71	74.09
48	68.54	73.04	72.65

Tablo A.22 Birleştirilmiş C2 modelinin *F.oxysporum* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri

Görüntü Zamanları (Saat)	F1 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	F2 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	F3 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)
0	99.74	97.76	97.01
6	99.5	99.5	99.58
12	93.8	95.65	98.85
18	71.94	71.37	75.76
24	43.74	43.22	44.28
30	39.3	39.1	39.14
36	37.11	37.14	37.05
42	38.32	38.70	39.44
48	38.48	39.05	40.93

Tablo A.23 Birleştirilmiş C2 modelinin *Saliva* ile kontamine edilmiş süspansiyon kültürü görüntüleri ile benzerlik değerleri

Görüntü Zamanları (Saat)	S1 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	S2 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)	S3 Süspansiyon Kültürünün Birleştirilmiş C2 Modeli ile Uyumluluk Değeri(%)
0	98.26	99.5	98.76
6	99.32	99.32	99.17
12	99.61	99.61	99.42
18	97.65	97.65	99.53
24	83.67	83.38	81.58
30	80.26	82.28	81.01
36	83.57	82.24	81.26
42	80.91	80.54	81.26
48	82.46	80.62	81.43

Tablo A.24 Model Ec1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerekleřtirilen hcre yoęunluęu ıkarım sonuları

lm Zamanları (Saat)	E2 Numaralı Kltr Absorbans lm Deęeri (600 nm)	Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ıkarım Deęer Aralıęı	Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ıkarım Deęer Aralıęı Ortalaması	ıkarım Doęruluęu (%)
6	0.124	0.128-0.128	0.128	96.77
12	0.388	0.4-0.402	0.401	96.65
18	0.794	0.804-0.806	0.805	98.61
24	0.874333	0.895-0.897	0.896	97.52
Model Ec1'in Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ile Toplam ıkarım Doęruluęu:				97.39

Tablo A.25 Model Ec1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerekleřtirilen hcre yoęunluęu ıkarım sonuları

lm Zamanları (Saat)	E3 Numaralı Kltr Absorbans lm Deęeri (600 nm)	Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ıkarım Deęer Aralıęı	Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ıkarım Deęer Aralıęı Ortalaması	ıkarım Doęruluęu (%)
6	0.135	0.128-0.129	0.1285	95.19
12	0.411	0.429-0.433	0.431	95.13
18	0.810	0.822-0.824	0.823	98.4
24	0.886	0.901-0.903	0.902	98.19
Model Ec1'in Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ile Toplam ıkarım Doęruluęu:				96.73

Tablo A.26 Model Ec1'in rastgele orman regresyonu ile gerekleřtirilen hcre yoęunluęu ıkarım sonuları

lm Zamanları (Saat)	E2 Numaralı Kltr Absorbans lm Deęeri (600 nm)	Rastgele Orman Regresyonu ıkarım Deęeri	ıkarım Doęruluęu(%)
6	0.124	0.105	84.68
12	0.389	0.408	95.12

18	0.794	0.808	98.24
24	0.874	0.892	97.94
Model Ec1'in Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			94

Tablo A.27 Model Ec1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Saat)	E3 Numaralı Kültürü Absorbans Ölçüm Değeri (600 nm)	Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri	Çıkarım Doğruluğu(%)
6	0.135	0.110	81.48
12	0.410	0.439	92.93
18	0.810	0.832	97.28
24	0.886	0.896	98.87
Model Ec1'in Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			92.64

Tablo A.28 Model At1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerekleřtirilen hcre yoęunluęu ıkarım sonuları

lm Zamanları (Saat)	A2 Numaralı Kltr Absorbans lm Deęeri (600 nm)	Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ıkarım Deęer Aralıęı	Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ıkarım Deęer Aralıęı Ortalaması	ıkarım Doęruluęu (%)
6	0.061	0.057-0.060	0.059	96.72
12	0.242	0.23-0.23	0.23	95.04
18	0.83	0.824-0.833	0.829	99.88
24	0.987	0.956-0.958	0.957	96.96
Model At1'in Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ile Toplam ıkarım Doęruluęu:				97.15

Tablo A.29 Model At1'in minimum mesafe ve ağırlıklı skarlama algoritması ile gerekleřtirilen hcre yoęunluęu ıkarım sonuları

lm Zamanları (Saat)	A3 Numaralı Kltr Absorbans lm Deęeri (600 nm)	Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ıkarım Deęer Aralıęı	Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ıkarım Deęer Aralıęı Ortalaması	ıkarım Doęruluęu (%)
6	0.08	0.077-0.078	0.078	97.5
12	0.297	0.322-0.325	0.324	90.91
18	0.832	0.848-0.857	0.853	97.48
24	0.978	0.966-0.969	0.968	98.98
Model At1'in Minimum Mesafe ve Aęırlıklı Skarlama Algoritması ile Toplam ıkarım Doęruluęu:				96.22

Tablo A.30 Model At1'in rastgele orman regresyonu ile gerekleřtirilen hcre yoęunluęu ıkarım sonuları

lm Zamanları (Saat)	A2 Numaralı Kltr Absorbans lm Deęeri (600 nm)	Rastgele Orman Regresyonu ıkarım Deęeri	ıkarım Doęruluęu(%)
6	0.062	0.058	93.55
12	0.242	0.235	97.11

18	0.83	0.829	99.88
24	0.987	0.963	97.57
Model At1'in Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			97.03

Tablo A.31 Model At1'in rastgele orman regresyonu ile gerçekleştirilen hücre yoğunluğu çıkarım sonuçları

Ölçüm Zamanları (Saat)	A3 Numaralı Kültürü Absorbans Ölçüm Değeri (600 nm)	Rastgele Orman Regresyonu Çıkarım Değeri	Çıkarım Doğruluğu(%)
6	0.08	0.079	98.75
12	0.297	0.322	91.58
18	0.832	0.868	95.67
24	0.978	0.971	99.28
Model 1'in Rastgele Orman Regresyonu ile Toplam Çıkarım Doğruluğu:			96.32

TEZDEN ÜRETİLMİŞ YAYINLAR

Konferans Bildirileri

1. Akar Z., YILMAZ A., ERİŞEN S. Süspansiyon Hücre Kültürlerinde Görüntü Temelli Kalite ve Kontrolünün Tespiti. 5. ULUSLARARASI PALESTRA BİLİMSEL ARAŞTIRMALAR KONGRESİ, Kuzey Makedonya, 4 May 2025, ss. 3-4.

