İSTANBUL TEKNİK ÜNİVERSİTESİ ★ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

GEN İFADESİNİN ŞEBEKE MODELİ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Fizik Müh. Duygu BALCAN

Anabilim Dalı : FİZİK

Programı : FİZİK MÜHENDİSLİĞİ

MAYIS 2003

İSTANBUL TEKNİK ÜNİVERSİTESİ ★ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

GEN İFADESİNİN ŞEBEKE MODELİ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Fizik Müh. Duygu BALCAN
(509011054)

Tezin Enstitüye Verildiği Tarih : 5 Mayıs 2003
Tezin Savunulduğu Tarih : 26 Mayıs 2003

Tez Danışmanı : Prof.Dr. Ayşe ERZAN
Diğer Jüri Üyeleri Prof.Dr. Nihat BERKER (İ.T.Ü.)
Doç.Dr. Uğur YAVUZER (İ.T.Ü.)

MAYIS 2003

ÖNSÖZ

Sevgili Ayşe ERZAN'a, bana doğayı anlama yolunda attığım her adımda, merakı ve heyecanıyla yanımda olduğu, birikimini ve dehasını benimle paylaştığı, öğrenirken ve öğretirken duyduğu mutluluğu bana ve tüm öğrencilerine aktardığı için minnettarım. Sevgili Ahmet Togo GİZ'e, beni fizik ile tanıştırdığı ve yolumu çizmem sırasında yardımlarını esirgemediği için minnettarım.
Sayın Nihat BERKER'e tezin kontrolü aşamasında, gösterdiği hassasiyet ve yapıcı eleştirileriyle yaptığı katkılardan dolayı teşekkür ederim. Sayın Uğur YAVUZER ve Benan DİNÇTÜRK'e, tezin savunulması sırasında, biyoloji konusundaki bilgilendirici katkılarından dolayı teşekkür ederim.
Sevgili arkadaşım ve meslektaşım Handan YILDIRIM'a, yanımda olduğu için minnettarım. Sevgili babanneme, bana katlandığı için, her zaman yanımda olduğu ve bitmek bilmeyen sevgisi için minnettarım.

Mayıs 2003 Duygu BALCAN

İÇİNDEKİLER

TABLO LİSTESİ **v**
ŞEKİL LİSTESİ **vi**
SEMBOL LİSTESİ **viii**
ÖZET **ix**
SUMMARY **x**

1. GİRİŞ **1**

2. GEN İFADESİNİN ŞEBEKE MODELİ **4**
2.1. Modelin Tanımı 5
2.1.1. Kromozomun Herhangi Bir Gerçekleşimi 5
2.1.2. Etkileşim Matrisi ve Oluşan Şebeke 7
2.1.3. Sistemin Gelişi Güzel Evrimi 10
2.1.3.1. Nokta Mutasyonlar 10
2.1.3.2. Başlatıcı/Bitirici İşaretlerin Yer Değiştirmesi 11
2.2. Seçilimsiz Gen İfadesi Şebekesinin Karakterizasyonu 11
2.2.1. Gen Uzunluğu Dağılımı 11
2.2.2. Etkileşim Matrisinin Elemanlarının Dağılımı 13
2.2.2.1. Uzunluğu 1 Olan Genin Başka Genlerin İçinde Bulunma Olasılığı 17
2.2.3. Komşu Sayısı Dağılımı 19
2.2.4. Küme Büyüklüğü Dağılımı 23

3. MODELİN MC SİMÜLASYONU VE SONUÇLAR **24**
3.1. Bir Kromozom Dizilimi Gerçekleşiminin Oluşturulması 24
3.2. Nokta Mutasyonların Elde Edilmesi 24
3.3. Gen Dizilerinin ve Gen Uzunluk Dağılımlarının Tespiti 25
3.3.1. Ortalama Gen Uzunluğunun Zaman İçindeki Davranışı 26
3.3.2. Gen Uzunluğu Dağılımı 27
3.4. Kümelerin ve Küme Büyüklüğü Dağılımının Tayini 29
3.4.1. Ortalama Küme Büyüklüğünün Zaman İçinde Değişimi 30
3.4.2. Küme Büyüklüğü Dağılımı 32
3.5. Komşu Sayısı Dağılımlarının Tayini 34
3.5.1. Ortalama Komşu Sayısının Zaman İçinde Değişimi 35
3.5.2. z_O Dağılımı 37
3.5.3. z_I Dağılımı 41
3.5.3. z Dağılımı 47

4. RASTGELE ŞEBEKELERDE DİNAMİK RG **49**
4.1. Gen İfadesinin Spin Modeli Tasviri 49
4.2. Gerçek Uzay Dinamik RG'nin Γ-Komşuluklu Kinetik Ising Modeline Genelleştirilmesi 51
4.2.1. Kinetik Ising Modeli İçin Patron Denklemi 52
4.2.2. Bir Fonksiyonun Spin Çarpımları Cinsinden Açılımının Elde Edilmesi 55
4.2.3. Ölçek Değişimi ve Seyreltme 59
4.2.4. Dinamik Kritik Üstelin Elde Edilmesi 66
4.3. Hiyerarşik Latis Üzerinde Durulma Zamanları Hiyerarşisi 69
4.3.1. Hiyerarşik Latiste Komşu Sayısı Dağılımı 69
4.3.2.Durulma Zamanları Hiyerarşisi 73

3. SONUÇLAR VE TARTIŞMA **75**

EKLER **76**

KAYNAKLAR **86**

ÖZGEÇMİŞ **88**

TABLO LİSTESİ

		Sayfa No
Tablo 2.2.3.1.	Genler ve sahip oldukları farklı tipteki komşu sayıları.....	20
Tablo 2.2.3.2.	Komşu sayısı dağılımı.....	20
Tablo 3.5.2.1.	Genlerin çıkan bağ sayıları ve uzunlukları.....	40
Tablo 3.5.3.1.	Genlerin giren bağ sayıları ve uzunlukları.....	47
Tablo 4.2.4.1.	Dinamik kritik üstelin en yakın komşu sayısı ile değişimi.....	67
Tablo B.1.	Mikroskopik durumlar ve bunlara karşılık geler büyüklükler...	81

SEMBOL LİSTESİ

l	**:** Gen uzunluğu
$n(l)$	**:** Gen uzunluğu dağılımı
s	**:** Küme büyüklüğü
$n(s)$	**:** Küme büyüklüğü dağılımı
z	**:** Bir genin toplam toplam komşu sayısı
$n(z)$	**:** Toplam komşu sayısı dağılımı
z_O	**:** Bir genden çıkan bağ sayısı
$n(z_O)$	**:** Çıkan bağ sayısı dağılımı
z_I	**:** Bir gene giren bağ sayısı
$n(z_I)$	**:** Giren bağ sayısı dağılımı
W	**:** Etkileşim matrisi

GEN İFADESİNİN ŞEBEKE MODELİ

ÖZET

Biyolojik sistemlerde protein üretimi, yani gen ifadesi, birebir olmamakta ve genlerin birbirleriyle olan etkileşimleri sonucu ortaya çıkmaktadır. Bu etkileşimler için, seçilim baskısı olmaksızın mutasyon geçiren basit bir modelde, Monte Carlo simülasyonlarıyla, gen etkileşimlerinin ölçekten bağımsız bir şebeke oluşturduğu ve bir gen tarafından baskılanan gen sayısı (z_O) dağılımının $\left(z_O\right)^{-\tau_O}$ (τ_O=0.47±0.01) gibi bir kuvvet yasasına tabi olduğu ve bu şebekenin bir küçük dünya modeline uygun olarak kümelenme katsayısının C ≈ 0.5 olduğu bulundu. Gen etkileşimi şebekesinin bir kinetik Ising modeli biçiminde betimlenmesi durumunda, sistemin tepkimelerinin zaman içinde ölçekten bağımsız bir sönümlenme zamanı dağılımına sahip olabileceği görüldü. Bu kendiliğinden kritik sistemin dinamik davranışını inceleyebilmek için, dinamik renormalizasyon grubu dönüşümleri rastgele Γ- komşuluklu spin sistemlerine genelleştirildi.

NETWORK OF GENE EXPRESSION

SUMMARY

We have studied the regulatory network of gene expression during protein synthesis in biological systems. We have intoduced a simple random bit-string model to represent a chromosome sequence and have only considered the inhibition interactions between the genes. As the result of our Monte Carlo simulations, we have found that this simple model gives rise to a network of gene expression which is of the small-world type, with a clustering coefficient $C \approx 0.5$, and is scale-invariant with the distribution of out-going connectivities obeying $n(z_{out}) \sim (z_{out})^{-\tau}$. The exponent τ is found to be $\tau=0.47\pm0.01$. This result shows that the system is complex and can respond on any scale to the sitimuli coming from the environment. This also shows that the system has a self-organized critical behavior. In order to test ideas regarding the distribution of relaxation times on such a network, we have generalized the dynamical renormalization-group calculations to networks with an arbitrary number of nearest neighbors. This will enable us to compute the dynamical exponent on networks with random connections.

1. GİRİŞ

Canlı yapılar kalıtımsal özelliklerini taşıyan DNA tarafından kodlanmış olan proteinlerden oluşur. Organizmalar çok farklı ölçeklerde yapılara sahip olup bu farklı ölçekteki yapılar uyarılara her ölçekte ve karmaşık (kompleks) tepkiler verebilmektedir[1-3]. Çok hücreli canlılarda her hücre aynı DNA dizilimini taşımasına rağmen farklı işlevlere sahip olacak şekilde özelleşir[1-3]. Örneğin deri hücresi keratin adı verilen özel bir protein üretirken, kas hücresi miyosin üretmektedir. Bu da DNA üzerindeki her genin her an protein üretimine yol açmadığını, bazen aktif bazen de pasif olduğunu göstermektedir[1-3]. Protein üretimininin hangi şartlar altında gerçekleştirildiği süreci gen ifadesi olarak adlandırılmaktadır[1-3]. Genleri bazen aktif bazen ise pasif yapan gen ifadesinin hangi biyolojik yolla gerçekleştiği, nasıl bir şebeke oluşturduğu sorusuna yanıt aramak çalışmamızın konusunu oluşturmaktadır.

Gen ifadesinin genlerin, bazen organizmanın kendisinden bazen de dış dünyadan kaynaklanan çevre uyarıları altında, birbirleriyle etkileşmesinden kaynaklandığı düşünülmektedir[1-7]. Bu etkileşim iki şekilde olmaktadır: Bazı genler tarafından sentezlenen proteinler diğer genlerden bazılarının protein üretmesini engellemekte (baskılamakta), bazen ise tam tersi şekilde bazı genler tarafından üretilen proteinler diğer genlerden bazılarının baskılanmasını engellemekte, hatta onların protein üretimlerini arttırmaktadır (özendirmektedir)[2,3].

Bu durum bize genlerin çevreden gelen uyarılar altında etkileştiklerini söylemekte olup bu etkileşimlerin bir gen şebekesi meydana getirdiğini göstermektedir[8-11]. Oluşan bu gen şebekesinin gen ifadesini anlamamıza yardımcı olacağı düşüncesiyle bir model önerdik. Gen etkileşimlerinin karmaşık (kompleks) ve uzun erişimli olduğu bilinmektedir[7,8,10]. Bu sebeple oluşturulacak olan modelin bu karmaşıklığı içermesi gerekmektedir. Bizim modelimizde bu şebeke oluşturulurken sadece genlerin birbirlerini baskılamasından kaynaklanan etkileşim göz önünde tutulmuştur.

Doğada var olan şebekelerin çalışılması 90'lı yılların ortalarından bu yana ivme kazanmış olup yapılan çalışmalar matematiksel modellere ve bilgisayar simülasyonlarına dayanmaktadır[12]. Bilimsel makalelere verilen referansların oluşturduğu şebeke[13], iş ortaklığı şebekesi[14], internet ve www ("world wide web")[15], sinir şebekeleri[16], metabolik reaksiyonlar[17], ekolojik besin ağı[18] yapılan çalışmaların sadece bir kısmını oluşturmaktadır[12]. Şebekeler noktalardan ve bu noktaları birbirleriyle ilişkilendiren, çoğu zaman yönlü, bağlardan oluşan yapılardır[12]. Örneğin bilimsel makalelere verilen referansların şebekesinde şebekedeki noktalar makaleleri göstermekte olup bağlar referansı veren makaleden referans verilen makaleye doğru yönelecek biçimde yerleştirilmektedir. Şebeke özellikleri (yani karakterizasyonu) kümelenme katsayısı, noktalar arası ortalama en kısa yol ve bağ sayısı dağılımı gibi bazı büyüklükler aracılığıyla tayin edilmektedir[12]. Kümelenme katsayısı toplam bağ sayısının sistemde oluşabilecek maksimum bağ sayısına oranı olarak tanımlanmaktadır[12]. Noktalar arası ortalama en kısa yol ise, her bağcık bir adım olmak üzere, bir noktadan diğer bir noktaya en az kaç adımda gidilebileceğidir[12].

Kümelenme sabitinin büyük, ortalama en kısa yolun ise küçük olması, küçük-dünya ("small-world") şebekelere işaret etmektedir[11,12]. Bağ sayısı dağılımının kuvvet yasası şeklinde olması ise şebekenin ölçekten bağımsız ("scale-invariant") olduğunu göstermektedir[11,12]. Bir şebekeyi ölçekten bağımsız hale getiren şeyin ise noktalar arasındaki bağların rastgele değil tercihli olarak (yani bir kurala göre) yerleştiriliyor olması olduğu düşünülmektedir[12]. Doğal şebekelerde nokta sayısının değişiyor olması bu şebekelerin dengede olmaması anlamına gelir[12]. Çalışılmış olan doğal şebekelerin ölçekten bağımsız karakter gösterdikleri gözlenmiştir[12]. Bir şebekenin ölçekten bağımsız olması bu sistemdeki etkileşimlerin karmaşık olduğuna işaret etmektedir[11,12].

Şebekelerin herhangi bir uyarıya tepki verme süreleri ya da evrilme süreci içinde durulma sürelerinin ortalama olarak kümeleşme katsayısı, yerel olarak da noktaların derecelerine (bağ sayılarına) bağlı olduğunu düşünebiliriz. Bizim örneğimizde, gen ifadesi için oluşturduğumuz şebekede, bağ sayılarının dağılımının ölçekten bağımsız olduğunu bulmamız bu sistemin kendiliğinden kritik davranış sergileyebileceğini söyleme imkanı vermiştir. Bu sistemlerin kritik davranışlarının dinamik renormalizasyon grubu yöntemi[19,20] ile tayin edilebileceğini öngördük. Bu

davranışı tayin etmek üzere en yakın komşu etkileşimlerinin geçerli olduğu kinetik Ising modeli üzerinde dinamik RG hesaplarını Γ komşuluklu örgülere genelleştirerek bu sistemin dinamik kritik üstelini tayin ettik. Bu hesabı en yakın komşu sayısının (yani bağ sayısının) sabit olmayıp, bir olasılık dağılımına tabi olduğu gen şebekesi modelimize uyarlayabilmek için, şebekeyi, en yakın komşu sayısı dağılımının bir kuvvet yasası şeklinde olduğu bir hiyerarşik latis üzerinde konumlanmış olarak düşündük. Bu hiyerarşik latis için durulma zamanları hiyerarşisini elde ettik.

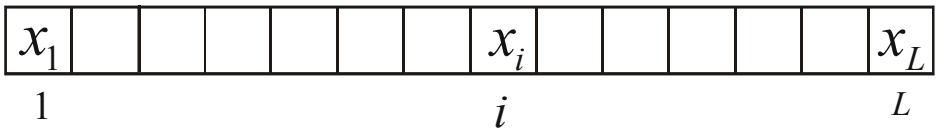
2. GEN İFADESİNİN ŞEBEKE MODELİ

Kromozomlar, DNA adı verilen ve canlıların kalıtımsal özelliklerini taşıyan nükleotid zincirlerinin depolandığı yapılardır[1-3]. Genler ise DNA üzerinde yer alan kısımlar olup protein sentezlenmesini kodlar[1-3]. Her gen bir protein kodlamaktadır[1-3]. DNA üzerindeki kod ilk önce RNA dizilerine tercüme edilip, proteinler bu RNA dizileri tarafından sentezlenmektedir[1-3]. DNA, (A) adenin, (T) timin, (G) guanin ve (C) stozin olmak üzere dört bazdan oluşan bir dizilimdir[1-3]. Bu bazlar zincir üzerine farklı kombinasyonlarda dizilerek DNA'yı oluşturur[1-3]. Yani DNA'yı dört harften oluşan bir alfabe, gen dizilimlerini de anlamlı kelimeler olarak düşünmek mümkündür. RNA diziliminde ise timinin yerini (U) urasil almaktadır[1-3]. Doğada 20 farklı amino asit bulunmakta olup, her bir amino asit gen dizilimleri üzerindeki bir üçlü baz tarafından kodlanır[1-3]. Bir üçlü baz dört harften (A, T, G, C) üçünün ard arda farklı kombinasyonlarla sıralanmasından oluşmaktadır. Örneğin GAA üçlü bazı glu adı verilen bir amino asit kodlamaktadır[1-3]. Birden fazla üçlü baz bir tek amino asit kodlayabilmektedir[1-3]. DNA'dan RNA'ya tercüme edilen kodda, bir protein sentezinin nerede başlayıp nerede bittiğini bildiren özel başlangıç ve bitiş işaretleri vardır[1-3]. Protein sentezinin başladığını AUG üçlü baz dizilimi, bittiğini ise UAA, UAG veya UGA bildirir[1-3].

Gen ifadesinin, hem $\mathrm{DNA} \rightarrow \mathrm{RNA}$ döngüsü sırasında hem de $\mathrm{RNA} \rightarrow \mathrm{protein}$ döngüsü sırasında regülasyon (düzenleme) mekanizmaları içerdiği bilinmektedir[3]. Burada önereceğimiz basit modelde bu aşamaları tek bir mekanizmaya indirgeyerek tartışacağız. Bu model, basitliği ile bize oluşabilecek şebeke yapıları hakkında bilgi verecektir. Gerçeğe daha yakın bir anlatım, $\mathrm{DNA} \rightleftarrows \mathrm{protein}$ ikilisi arasındaki aşamaları hesaba katmak zorundadır. Başka bir görüşle, burada sunulan modeli, $\mathrm{DNA} \rightleftarrows \mathrm{RNA}$ ikilisi veya $\mathrm{RNA} \rightleftarrows \mathrm{protein}$ ikilisi için düşünmek daha doğru olabilir.

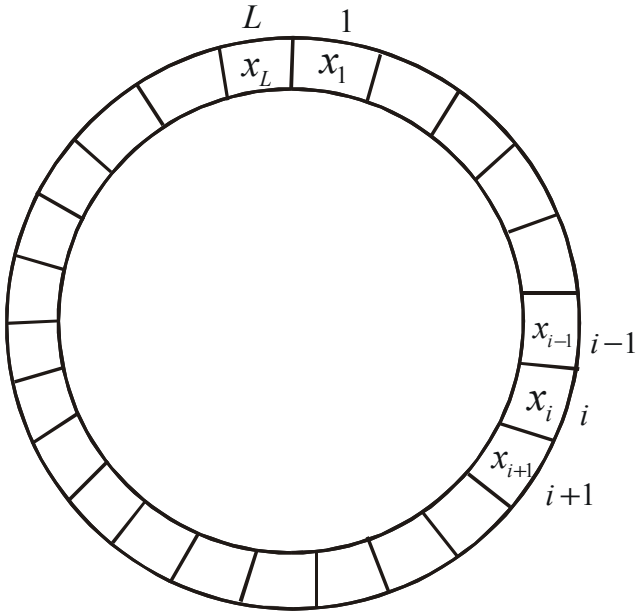
2.1 Modelin Tanımı

Tasarladığımız modelde bir kromozom, elemanları 0,1 veya 2 değerlerini belli olasılıklarla alan L uzunluklu bir dizilim olarak düşünüldü.



Şekil 2.1.1 Kromozom diziliminin temsil edildiği L uzunluğundaki dizi. Kromozom dizilimi üzerindeki i 'inci konumda bulunan elemanın değeri x_i ile gösterilmektedir.

Periyodik sınır koşulları kullanıldı. Bu, $x_{L+1} \equiv x_1$ ve/veya $x_0 \equiv x_L$ olarak tanımlanması anlamına gelir

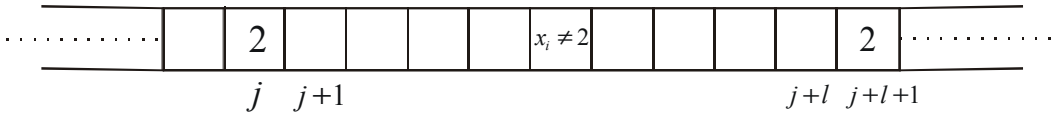


Şekil 2.1.2 Kromozom diziliminin periyodik sınır koşulları altındaki görünümü.

2.1.1 Kromozomun Herhangi Bir Gerçekleşimi

Kromozom üzerindeki her bir elemanın değeri belli bir olasılığa bağlı olarak rastgele belirlendi. Bir eleman p olasılıkla 2, $\frac{1-p}{2}$ olasılıkla 1, ve $\frac{1-p}{2}$ olasılıkla da 0 değerini almaktadır.

Kromozom üzerindeki genler 0'lı ve/veya 1'li dizilerden oluşmakta olup, bir elemanın 2 değerine sahip olması ise bunun iki geni ayıran bir eleman olması anlamına gelmektedir. Yani kromozom üzerindeki bir genin varlığını elemanları 2'den farklı olan kesintisiz bir diziden önce ve sonra konumlanmış olan değeri 2 olan elemanlar belirler. Bu, değeri 2 olan elemanları, DNA üzerindeki kodlama yapmayan ("non-coding") bölgeler olarak düşünebiliriz.



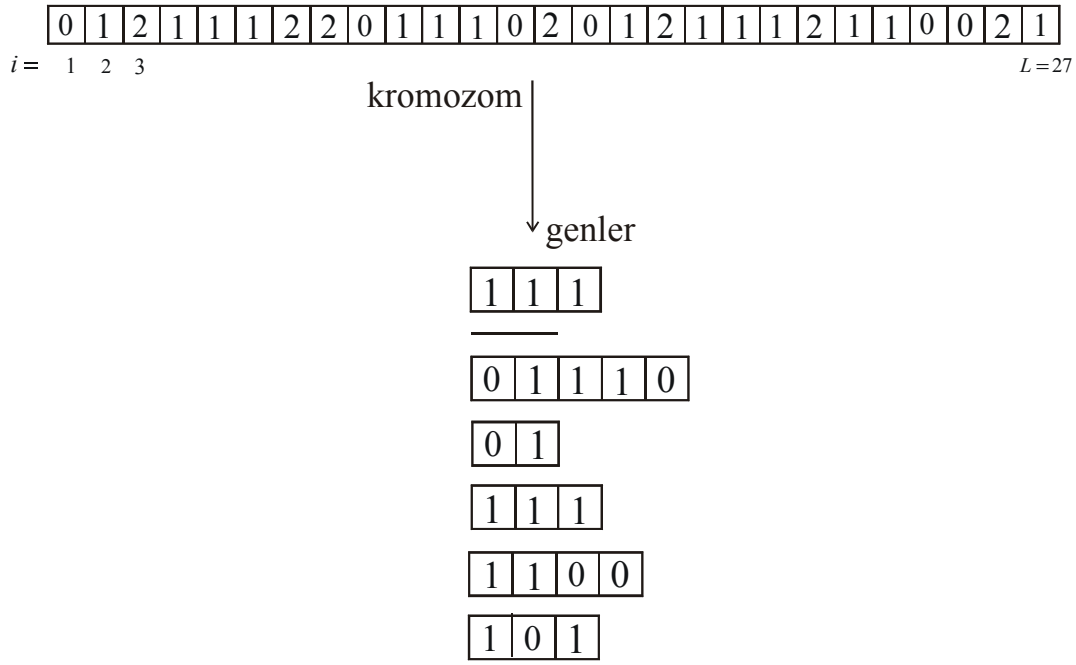
Şekil 2.1.1.1 l tane ard arda gelen ve değerleri 2'den farklı bir set ile bu setin her iki ucunun da 2'ye eşit olduğu dizilim. Bu dizilimde $i = j$ ve $i = j + l + 1$ için $x_i = 2$, $j+1 \le i \le j+l$ için $x_i = (0 \text{ veya } 1)$.

Bunu formel bir hale getirirsek, x_i i'inci konumdaki kromozom elemanını göstermek üzere $C \equiv (x_1, x_2, ..., x_{i-1}, x_i, x_{i+1}, ..., x_L)$ veya $C \equiv \{x_i\}$, $i = 1, 2, ..., L$ seti kromozom diziliminin bir gerçekleşimini temsil eder. Bu set içindeki her bir elemanın değeri diğer elemanlardan bağımsız olarak belirlenir. $P(x_i)$'yi kromozomun i'inci elemanının x_i değerini alma olasılığı olarak tanımlarsak,

$$P(x_i) = \begin{cases} p, & x_i = 2 \\ \dfrac{1-p}{2}, & x_i = 0 \\ \dfrac{1-p}{2}, & x_i = 1 \end{cases} \qquad (2.1.1.1)$$

olur. C setindeki 2 değerli elemanların sayısına N_2 dersek (bu aynı zamanda dizilimdeki genlerin sayısını da veriyor), N_2'nin beklenen değeri $\langle N_2 \rangle$, (2.1.1.1)'den görüleceği üzere, L uzunluklu bir kromozom için $\langle N_2 \rangle = L\,p$ dir.

Elemanlarının değerleri yukarıda anlatıldığı gibi rastgele bir biçimde belirli olasılıklara bağlı olarak belirlenmiş olan bir kromozom dizilimi verildiğinde bu dizilim üzerinde bulunan gen dizileri tespit edildi.



Şekil 2.1.1.2 Elemanlarının değerleri yukarıda anlatıldığı gibi belirlenmiş olan, $L = 27$ uzunluğunda bir kromozom dizilimi görülüyor. Bu dizilim üzerinde 7 tane gen olduğu (yani $N_2 = 7$), ilk gen diziliminin ilk değeri 2 olan eleman ile ikinci 2 değerli eleman arasında bulunan 111 dizilimi, üçüncü gen diziliminin üçüncü değeri 2 olan elemanla dördüncü 2 değerli eleman arasında yer alan 01110 dizilimi olduğu, ve böyle devam edildiğinde son (yani yedinci) gen diziliminin yedinci değeri 2 olan elemanla ilk 2 değerli eleman arasında yer alan 101 olduğu görülüyor. Burada ikinci değeri 2 olan elemanla üçüncü 2 değerli eleman yanyana bulunduğundan ikinci gen, uzunluğu sıfır olan bir gen olarak tanımlanıyor.

2.1.2 Etkileşim Matrisi ve Oluşan Şebeke

Gen ifadesi, bir çok aşamadan geçen bir kodlama ve okuma (çakışma) ilişkisini içermektedir. Bir gen tarafından kodlanan RNA, ya da onun sentezlediği proteinin karşı geldiği dizilimler, bir başka genin, ya da RNA dizisinin alt dizilimleri ile belli bir ilişki içinde olduklarında, bu ikinci genin ifadesini etkileyebilmektedirler. Bu karmaşık ilişkiyi biz modelimizde, bir gen diziliminin bir diğeri içinde aynen bulunma (özdeşlik) ilişkisi biçiminde basitleştirerek temsil edeceğiz. Bu ilişkinin, bir dizinin diğeri içinde bulunan bir diziyle özdeşliği değil de, bir başka tasviri

("mapping") de olabileceği gerçeği, tasvir birebir olduğu sürece modelin matematiksel yapısını değiştirmeyecektir. Elde ettiğimiz model, gen etkileşimlerini tıpatıp anlatmasa da, matematiksel olarak iyi tanımlı bir istatistiksel probleme karşı gelmekte, ve daha sonra göstereceğimiz gibi, karmaşık bir şebekeye yol açmaktadır. Bu basit modelin ötesinde, ilişkililiğin çoktan bire tasvirler içeren biçimde genelleştirilmesi de kuşkusuz enteresan olacaktır.

Gen dizilimleri elde edildikten sonra gen şebekesini oluşturmak üzere bu genlerin birbirleriyle olan etkileşimleri $N_2 \times N_2$ boyutlu bir matris aracılığıyla temsil edildi. Bu modelde genlerin birbirleriyle olan etkileşimlerini sadece baskılama ile sınırlı tutacağız. Özendirme ilişkisini hesaba katmayacağız. Etkileşim şu şekilde tanımlandı: Eğer bir gen dizilimi başka bir gen dizilimi içindeki herhangi bir aralıkta kendini bulabiliyorsa bu iki gen dizilimi arasındaki etkileşimi temsil eden eleman 1, bulamıyorsa 0 olur. Yani W adını verdiğimiz bu matrisin elemanları olan w_{ij}'ler şöyle tanımlanır:

$$w_{ij} = \begin{cases} 1\ , & i\text{'inci gen } j\text{'inci gende bulunuyorsa} \\ 0\ , & \text{aksi durumda} \end{cases} \qquad (2.1.2.2)$$

$$W = \begin{pmatrix} w_{11} & w_{12} & . & . & . & w_{1i} & . & . & . & w_{iN_2} \\ w_{21} & . & . & . & . & w_{2i} & . & . & . & . \\ . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\ . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\ . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\ w_{i1} & w_{i2} & . & . & . & w_{ii} & . & . & . & w_{iN_2} \\ . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\ . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\ . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\ w_{N_2 i} & . & . & . & . & w_{N_2 i} & . & . & . & w_{N_2 N_2} \end{pmatrix} \qquad (2.1.2.3)$$

Elemanları yukarıda anlatıldığı gibi tanımlanmış bir W matrisinin i'inci satırı i'inci genin içinde bulunduğu genleri, i'inci sütunuysa i'inci genin içinde bulunan genleri belirlememizi sağlar. Matrisin köşegeni üzerinde bulunan elemanlar (yani w_{ii}'ler):

$$w_{ii} = \begin{cases} 1\ , & i\text{'inci genin uzunluğu sıfırdan farklı ise} \\ 0\ , & \text{aksi durumda} \end{cases} \qquad (2.1.2.4)$$

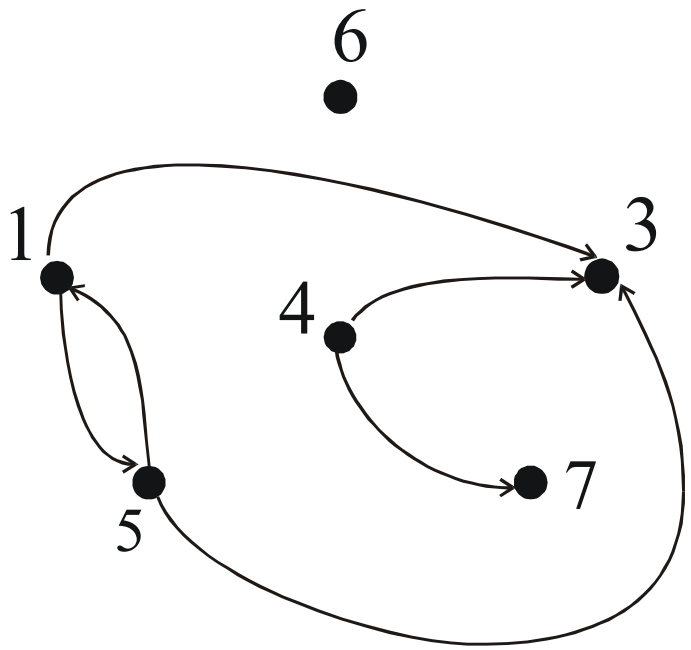
olarak tanımlanır. W matrisi üzerinde sıfır uzunluklu genlerin bulunduğu satır ve sütun elemanları ise 0 olmaktadır.

Bir gen diziliminin (uzunluğu l_i olan i'inci gen) başka bir gen dizilimi (j'inci gen) içinde bulunabilmesi için gerekli ilk koşul $l_j \geq l_i$ olmasıdır. Eğer $l_j < l_i$ ise $w_{ij} = 0$ olur. Eğer $l_j = l_i$ ise $w_{ij} = 1$ olması ancak i'inci ve j'inci genlerin özdeş olmasıyla mümkündür. Yukarıda örneği verilmiş olan kromozom dizilimi için bu matris şöyledir:

$$W = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \qquad (2.1.2.5)$$

W matrisinin elemanlarına bakarak her bir genin hangi genlerle etkileştiğini tespit edebiliriz. Örneğin, 4. gen için W matrisinin 4. satırına bakarak bu genin 3. ve 7. genlerin içinde bulunduğunu, 4. sütuna bakarak da hiç bir gen dizilimini içinde bulundurmadığını söyleyebiliyoruz. Yine bu matrisin köşegeni üzerindeki elemanlara bakarak 2. genin, uzunluğu 0 olan bir gen olduğunu söyleyebiliriz.

W etkileşim matrisinin yazılması bize bir şebeke tanımlamaktadır. Bu şebeke, kromozom üzerindeki konumlarından bağımsız olarak, genlerin W matrisi yardımıyla birbirlerine yönleri olan bağlarla bağlanmalarından oluşur. Bu bağlar şu şekilde yerleştirilir: Eğer i'inci gen j'inci genin içinde yer alıyorsa (yani $w_{ij} = 1$ ise) i'inci genden j'inci gene uzanan ve ucu j'inci geni gösterecek biçimde bir ok çizilir. Eğer bir genin uzunluğu 0 ise bu gen oluşturulan şebekenin içine yer almaz. Aşağıdaki şekilde, yukarıda verilmiş olan kromozom dizilimi için bu dizilime ait olan W martisi aracılığıyla çizilmiş şebeke gösteriliyor.



Şekil 2.1.2.1 W matrisi takip edildiğinde görülüyor ki, 1. gen 3. ve 5. genlerin içinde yer aldığından 1. genden çıkan ve 3. ve 5. gene uzanan birer ok çizilerek bu genler birbirine bağlanmış. 2. gen sıfır uzunluklu olduğundan bu şebekede yer almıyor. 6. gen diğer genlerle hiç bir bağı olmadığından tek başına kalmış durumda. 1. ve 5. genin dizilimleri aynı olduğundan, aralarında her iki yönde de bağ olduğu görülüyor.

2.1.3 Sistemin Gelişi Güzel Evrimi

Kromozom dizilimi, herhangi bir seçilim baskısı olmaksızın, mutasyona uğratılarak bu kromozom diziliminin başka gerçekleşimleri elde edildi. Burada koromozom uzunluğu L'nin ve gen sayısı N_2'nin değişmediğine dikkatinizi çekmek isteriz.

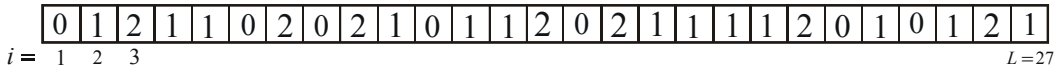
2.1.3.1 Nokta Mutasyonlar

Nokta mutasyonları, kromozom üzerindeki elemanların tek tek ($i=1$'dan $i=L$'ye kadar) taranması ve, eğer i'inci konumda yer alan elemanın değeri (x_i) 0 veya 1 ise o elemanın α olasılıkla $(x_i+1)_{\mathrm{mod}\,2}$ olarak değiştirilmesi, böylece $x_i \to (x_i+1)_{\mathrm{mod}\,2}$ olması, eğer i'inci konumada yer alan elemanın değeri 2 ise bu elemanın da yine α olasılıkla rastgele belirlenmek üzere sağındaki ya da solundaki elemanla yer değiştirmesi, böylece $x_i \to x_{i+1}$ ve $x_{i+1} \to x_i$ veya $x_i \to x_{i-1}$ ve $x_{i-1} \to x_i$ olması

olarak tanımladık. Bu işlemin sonunda gen sayısı aynı kalmak üzere farklı bir kromozom dizilimi (yani gerçekleşimi) elde edilir.

2.1.3.2 Başlatıcı/Bitirici İşaretlerin Yer Değiştirmesi

Kromozom üzerinde her üç bazın bir amino asit kodlaması sebebiyle başlatıcı ve bitirici işaretlerin (bizim modelimizde bunları değeri 2 olan elemanlar olarak düşünmek mümkün) yer değiştirmesi tamamen farklı bir okumaya ve farklı bir protein sentezine sebep olacaktır. Yani 2 değerli elemanların yer değiştirmesi sistemde uzun erişimli ve yüksek bağlantılı bir etki yaratmaktadır.



Şekil 2.1.3.1 Yukarida örnek olarak verilmiş olan kromozom dizilimini bu kurala göre mutasyona uğrattığımızda elde edelen yeni bir dizilim. Dizilimdeki 2 değerlikli elemanların sayısı (böylece de gen sayısı) olan N_2'nin değişmediği görülüyor.

2.2 Seçilimsiz Gen İfadesi Şebekesinin Karakterizasyonu

Bizim modelimiz için gen şebekesinin karakteristiği, küme büyüklüğü dağılımı ve genlerin farklı tipteki bağ sayılarının dağılımları hesaplanarak yapılacaktır. Gen uzunluklarının dağılımının tayini ise karakterizasyon için hesaplanacak olan dağılımların yorumlanmasında kullanılacaktır.

2.2.1 Gen Uzunluğu Dağılımı

Kromozom diziliminin üzerindeki genler belirlendikten sonra her bir genin uzunluğu ve böylece gen uzunluklarının dağılımı tespit edildi. Bu dağılımın tespit edilmesinden sonra ise ortalama gen uzunluğu ($\langle l \rangle$) belirlendi.

$$\langle l \rangle = \frac{\sum_{l=0}^{l_{\max}} l \;\; n(l)}{\sum_{l=0}^{l_{\max}} n(l)} \quad , \quad \sum_{l=0}^{l_{\max}} n(l) = N_2 \qquad (2.2.1.1)$$

Yukarıda örnek olarak verilmiş olan dizilim için bu işlemler yapıldığında ($N_2 = 7$) $l = 0,1,2,3,4,5$ için $n(l) = 1,0,1,3,1,1$ olduğu ve $\langle l \rangle = \frac{20}{7}$ olduğu görülüyor.

Şimdi gen uzunluğu dağılımını ve ortalama gen uzunluğunu analitik olarak hesaplamaya çalışalım. Kromozom üzerinde herhangi bir j konumundan bir genin başlaması ve l uzunluklu olmasının olasılığı $\mathcal{P}_j(l)$'yi hesaplarsak, j'den bağımsız olarak

$$\mathcal{P}_j(l) = p^2 (1-p)^l \tag{2.2.1.2}$$

olarak bulunur. Bir gen diziliminin elemanları 2'den farklı bir dizi ile bu dizinin iki ucunda konumlanmış olan değeri 2 olan elemanlarla belirlendiğini hatırlayınız. Bu sebeple bu olasılık, l tane elemanın 2'den farklı olma olasılığı ile iki elemanın 2 değerine sahip olma olasılığının çarpımından ibarettir.

Bazı hesaplamaları kolaylaştırmak için bu modelde periyodik sınır koşulları kullandık ($x_{L+1} \equiv x_1$ ve/veya $x_0 \equiv x_L$). l uzunluklu gen sayısınının beklenen değeri $n(l)$'yi hesaplamak istersek,

$$n(l) = L\, p^2 (1-p)^l \tag{2.2.1.3}$$

olarak bulunur. Burada bu l uzunluklu genin kromozom üzerinde L farklı yerde konumlanabileceği göz önünde bulundurulmuştur. Bunu da,

$$n(l) = L\, p^2\, \mathrm{e}^{-l\left|\ln(1-p)\right|} \tag{2.2.1.4}$$

olarak yazabiliriz. Kromozom diziliminde l uzunluklu bir gen bulma olasılığı $\mathcal{P}(l)$ ise yaklaşık bir hesapla şöyle yazılabilir:

$$\mathcal{P}(l) \approx \frac{n(l)}{\langle N_2 \rangle} = p\, \mathrm{e}^{-l\left|\ln(1-p)\right|} \tag{2.2.1.5}$$

Şimdi, ortalama gen uzunluğunu ($\langle l \rangle$) hesabetmek istersek,

$$\langle l \rangle = \sum_{l=0}^{L-1} \mathcal{P}(l)\, l = \sum_{l=0}^{L-1} p(1-p)^l\, l$$

$$q \equiv (1-p) \tag{2.2.1.6}$$

$$\langle l \rangle = p\, q \frac{\mathrm{d}}{\mathrm{d}\, q} \sum_{l=0}^{L-1} q^l$$

eşitliği elde edilir. Kromozom uzunluğunun (L 'nin) sonsuza gittiği limitte, $\langle l \rangle$ değeri,

$$\langle l \rangle = p\, q \frac{\mathrm{d}}{\mathrm{d}\, q}\left(\frac{1}{1-q}\right) = \frac{1-p}{p} \tag{2.2.1.7}$$

olarak elde edilir. L 'nin sonlu olduğu durumda (2.2.1.7) denklemi ile elde edilmiş olan eşitliğe bir düzeltme terimi eklenmektedir.

2.2.2 Etkileşim Matrisinin Elemanlarının Dağılımı

Üzerinde N_2 tane 2 değerli eleman bulunan kromozom N_2 tane genden oluşuyor demektir. Genleri j ile indisler ve j 'inci genin uzunluğuna l_j dersek, bir gen dizilimini $C_j \equiv \left(x_{j_1}, x_{j_2}, x_{j_3}, ..., x_{j_{l_j}}\right)$ veya $C_j \equiv \left\{x_{j_n}\right\}$, $n = 1,2,3,.....l_j$ ile temsil edebiliriz.

i 'inci genin j 'inci gen içinde bulunması, bu genin j 'inci genin kesintisiz bir alt dizisi ile çakışması demek olsun. Bu, i 'inci genin kendisini j 'inci gen dizilimi içinde herhangi bir veya birden fazla aralıkta bulması ile mümkündür. i 'inci genin j 'inci gen içinde bulunup bulunmama durumuna w_{ij} dersek (bu W matrisinin w_{ij} elemanına karşılık geliyor).

$$w_{ij} = \begin{cases} 1 \text{ , } i.\ \text{gen}\ j.\ \text{gende varsa} \\ 0 \text{ , yoksa} \end{cases} \tag{2.2.2.1}$$

$w_{ij} = 1$ olması için gerekli ilk koşul $l_j \geq l_i$ olmasıdır.

Şimdi $l_j \geq l_i$ verili durumda i 'inci genin j 'inci gen içinde bulunma olasılığını inceleyelim. Bir dizilimin gen olduğunun verilmesi bu dizilimin elemanlarının 2'den

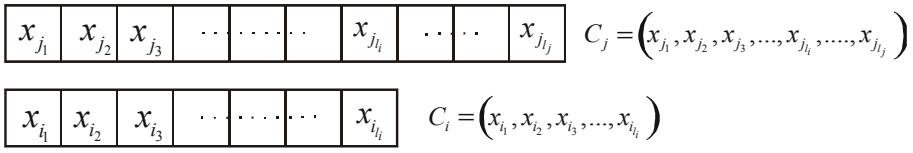
farklı olması anlamına gelmektedir. Bu durumda, bu dizilimdeki herhangi bir elemanın değerinin 0 olmasının olasılığı $\frac{1}{2}$, 1 olmasının olasılığı da yine $\frac{1}{2}$ dir.

Bunu şöyle ifade edebiliriz:

$$P\left(x_{j_n} \mid x_{j_n} \neq 2\right) = \frac{P\left(x_{j_n}, x_{j_n} \neq 2\right)}{P\left(x_{j_n} \neq 2\right)} = \frac{\frac{1-p}{2}}{1-p} = \frac{1}{2} \qquad (2.2.2.2)$$

Buradaki ifadedeki $P\left(x_{j_n} \mid x_{j_n} \neq 2\right)$, x_{j_n} elemanının 2'den farklı olduğu veriliyken herhangi bir değeri alma olasılığıdır.

C_i seti i'inci gen dizilimini, C_j seti j'inci gen dizilimini göstermek üzere bu dizilimler aşağıdaki resimde gösterilmektedir.



Şekil 2.2.2.1 l_j ve l_i uzunluğundaki iki gen dizilimi.

i'inci genin j'inci gen içinde herhangi bir aralıkta kendini bulabilmesi $\left(l_j - l_i + 1\right)$ şekilde mümkündür. j'inci genin eleman sayısı l_i olan kesintisiz bir alt dizilimini $C_j^{(k)} \equiv \left(x_{j_{1+k}}, x_{j_{2+k}}, x_{j_{3+k}}, ..., x_{j_{l_i+k}}\right)$ veya $C_j^{(k)} \equiv \left\{x_{j_{n+k}}\right\}, n = 1,2,3,.....l_i$ olarak tanımlarsak k'nın $0,1,.....,\left(l_j - l_i\right)$ değerlerini alabildiği görülür. Böylece i'inci gen j'inci gen içinde $C_i = C_j^{(0)}$ ve/veya $C_i = C_j^{(1)}$ ve/veya $C_i = C_j^{(2)}$ ve/veya ……ve/veya $C_i = C_j^{\left(l_j - l_i\right)}$ yollarıyla bulunabilir. $C_i = C_j^{(k)}$ olması ise $x_{i_1} = x_{j_{1+k}}$, $x_{i_2} = x_{j_{2+k}}$, $x_{i_3} = x_{j_{3+k}}$, ……., $x_{i_{l_i}} = x_{j_{l_i+k}}$ olması anlamına gelir.

Bizim için önemli olan ise C_i setinin C_j seti içinde kaç yerde kendini bulduğu değil, bulması ($C_i \in C_j$) ya da bulamaması ($C_i \notin C_j$) olduğundan, yanıt aramamız gereken C_i'nin C_j içinde kendini ilk nerede bulduğu sorusudur. $P\left(w_{ij} = 1\right)$'yi i'inci genin j'inci gen içinde bulunma olasılığı olarak tanımlarsak,

$$P\left(w_{ij}=1\right)=P\left(C_i\in C_j\right)=\Big\{\ P\left(C_i=C_j^{(0)}\right)+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i=C_j^{(1)}\right)$$
$$+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i\neq C_j^{(1)},C_i=C_j^{(2)}\right)+.....$$
$$+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i\neq C_j^{(1)},C_i\neq C_j^{(2)},.....,C_i\neq C_j^{(n-1)},C_i=C_j^{(n)}\right)+.....$$
$$+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i\neq C_j^{(1)},.....,C_i\neq C_j^{(l_j-l_i-1)},C_i=C_j^{(l_j-l_i)}\right)\ \Big\}$$

(2.2.2.3)

olarak yazılır. Şimdi, bu olasılık hesabı içindeki bazı terimleri hesaplamaya çalışalım.

$P\left(C_i=C_j^{(k)}\right)$, $C_i=\left\{x_{i_n}\right\}$ diziliminin $C_j^{(k)}=\left\{x_{j_{n+k}}\right\}$ dizilimine özdeş olma olasılığı,

$$P\left(C_i=C_j^{(k)}\right)=\left\langle\prod_{n=1}^{l_i}\delta_{x_{i_n},x_{j_{n+k}}}\right\rangle \tag{2.2.2.4}$$

olarak yazılır. Eğer x_{i_n} ve $x_{j_{n+k}}, n=1,2,....,l_i$ değişkenleri birbirlerinden bağımsız ise (ki bizim modelimizde öyle),

$$P\left(C_i=C_j^{(k)}\right)=\left(\frac{1}{2}\right)^{l_i} \tag{2.2.2.5}$$

olarak elde edilir.

$P\left(C_i\neq C_j^{(k)}\right)$, C_i diziliminin $C_j^{(k)}$ dizilimine özdeş olmama olasılığı ise,

$$P\left(C_i\neq C_j^{(k)}\right)=\left\langle\sum_{n=1}^{l_i}\left[\left(\prod_{m=1}^{n-1}\delta_{x_{i_m},x_{j_{m+k}}}\right)\left(1-\delta_{x_{i_n},x_{j_{n+k}}}\right)\right]\right\rangle$$
$$n=1 \text{ için } \left(\prod_{m=1}^{n-1}\delta_{x_{i_m},x_{j_{m+k}}}\right)\equiv 1 \tag{2.2.2.6}$$

olarak yazılır. Buradaki n, C_i diziliminin $C_j^{(k)}$ diziliminden ilk hangi elemanda farklılaştığını tutan indistir. Yani bu eşitlik; ilk elemanların farklı ($x_{i_1}\neq x_{j_{1+k}}$) olma olasılığı veya, ilk elemanların aynı ($x_{i_1}=x_{j_{1+k}}$) ve ikinci elemanların farklı ($x_{i_2}\neq x_{j_{2+k}}$) olma olasılığı veya, ilk ve ikinci elemanların aynı ($x_{i_1}=x_{j_{1+k}}, x_{i_2}=x_{j_{2+k}}$) ve üçüncü elemanların farklı ($x_{i_3}\neq x_{j_{3+k}}$) olma olasılığı veya, diye son elemanlara

kadar devam edildiğinde, son elemanlara kadar tüm elemanların aynı ve son elemanların farklı olma olasılığınının hesabını yapmaktadır. Bu hesap yapıldığında,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(k)}\right) = \frac{1}{2} + \left(\frac{1}{2}\right)^2 + \left(\frac{1}{2}\right)^3 + \ldots\ldots + \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i} = \frac{1}{2}\sum_{n=0}^{l_i-1}\left(\frac{1}{2}\right)^n \tag{2.2.2.7}$$

olarak bulunur. Buradaki geometrik toplam yapılırsa,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(k)}\right) = 1 - \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i} \tag{2.2.2.8}$$

olarak elde edilir. Bu olasılık hesabını daha kolay yapmanın bir yolu da şudur: Bir dizilimin aynı uzunlukta başka bir dizilime eşit olma ve olmama olasılıklarının toplamı 1'dir. Böylece,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(k)}\right) = 1 - P\left(C_i = C_j^{(k)}\right) \tag{2.2.2.9}$$

olur. Yani $P\left(C_i = C_j^{(k)}\right)$ hesaplandıktan sonra $P\left(C_i = C_j^{(k)}\right)$'yı uzun uzadıya hesaplamak gerekmemektedir. Denklem (2.2.2.5)'de elde edilmiş olan $P\left(C_i = C_j^{(k)}\right)$ kullanılarak (2.2.2.8) eşitliği kolayca elde edilir.

Genel bir l_i, l_j değeri için $P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i \neq C_j^{(1)}, C_i \neq C_j^{(2)}, \ldots\ldots, C_i \neq C_j^{(n-1)}, C_i = C_j^{(n)}\right)$ olasılığını hesaplamak oldukça zordur. Bu zorluk $C_j^{(0)}, C_j^{(1)}, C_j^{(2)}, \ldots\ldots, C_j^{(n-1)}, C_j^{(n)}$ konfigürasyonlarının birbirlerinden bağımsız olmamalarından kaynaklanmaktadır. Örneğin $C_j^{(0)}$ diziliminin x_{j_1} elemanı dışındaki tüm elemanları $C_j^{(1)}$ dizilimi tarafından içerilmektedir. Bu da, ortalama değer hesapları yapılırken, bir değişkenin çoğu zaman birden fazla terimde görünmesine yol açtığından, terimler birbirlerinden bağımsız olarak hesaplanamamaktadır. Bu nedenle iki özel durum için $P\left(w_{ij} = 1\right)$ olasılığının hesaplanışını ve elde edilen sonuçları vereceğiz.

$l_j - l_i = 1$ olduğu durumda i'inci genin j'inci gende bulunma olasılığı,

$$P\left(w_{ij} = 1\right) = P\left(C_i = C_j^{(0)}\right) + P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i = C_j^{(1)}\right) \tag{2.2.2.10}$$

olarak yazılır. Bu ifadedeki terimler hesaplandığında,

$$P\left(w_{ij}=1\right)=\left(\frac{1}{2}\right)^{l_i}\left[2-\left(\frac{1}{2}\right)^{l_i}\right] \tag{2.2.2.11}$$

olarak elde edilmiştir. Bu hesabın nasıl yapılacağı ise Ek A'da ayrıntılı olarak verilmektedir.

2.2.2.1. Uzunluğu 1 Olan Genin Başka Genlerin İçinde Bulunma Olasılığı

$l_i=1$ ve $l_j \geq l_i$ olduğu durumda $P\left(w_{ij}=1\right)$ olasılık hesabı şu şekilde yazılır:

$$\begin{aligned}
P\left(w_{ij}=1\right)=\Big\{\ & P\left(C_i=C_j^{(0)}\right)+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i=C_j^{(1)}\right)\\
&+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i\neq C_j^{(1)},C_i=C_j^{(2)}\right)+.....\\
&+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i\neq C_j^{(1)},C_i\neq C_j^{(2)},.....,C_i\neq C_j^{(n-1)},C_i=C_j^{(n)}\right)+.....\\
&+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i\neq C_j^{(1)},.....,C_i\neq C_j^{(l_j-2)},C_i=C_j^{(l_j-1)}\right)\ \Big\}
\end{aligned} \tag{2.2.2.1.1}$$

Burada C_i eleman sayısı 1 olan i'inci gen dizilimini temsil etmektedir: $C_i=\left(x_{i_1}\right)$, $C_j=\left(x_{j_1},x_{j_2},x_{j_3},....,x_{j_n},....,x_{j_{l_j}}\right)$. Bu olasılığı bulabilmek için tüm terimleri hesaplamak gerekmektedir. Fakat $l_i=1$ oluşu tüm terimlerin kolayca hesaplanmasını sağlamaktadır. Eğer $C_j^{(k)}$ dizilimlerine bakılırsa, $C_j^{(0)}=\left(x_{j_1}\right)$, $C_j^{(1)}=\left(x_{j_2}\right)$, $C_j^{(2)}=\left(x_{j_3}\right)$,....., $C_j^{(n)}=\left(x_{j_{n+1}}\right)$,....., $C_j^{(l_j-1)}=\left(x_{j_{l_j}}\right)$, bunların herbirinin eleman sayısı bir olan dizilimler olduğu ve bu nedenle de her bir dizilimin diğerlerinden farklı, yani bağımz olduğu görülür.Bu hesaptaki ilk terimin,

$$P\left(C_i=C_j^{(0)}\right)=\left\langle\delta_{x_{i_1},x_{j_1}}\right\rangle=\frac{1}{2} \tag{2.2.2.1.2}$$

olduğu kolayca görülür. İkinci terim,

$$P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i=C_j^{(1)}\right)=\left\langle\left(1-\delta_{x_{i_1},x_{j_1}}\right)\delta_{x_{i_1},x_{j_2}}\right\rangle \tag{2.2.2.1.3}$$

olarak yazılır ve hesaplandığında,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i = C_j^{(1)}\right) = \frac{1}{2} - \left(\frac{1}{2}\right)^2 = \left(\frac{1}{2}\right)^2 \qquad (2.2.2.1.4)$$

olduğu görülür. Üçüncü terim,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i \neq C_j^{(1)}, C_i = C_j^{(2)}\right) = \left\langle \left(1 - \delta_{x_{i_1}, x_{j_1}}\right)\left(1 - \delta_{x_{i_1}, x_{j_2}}\right)\delta_{x_{i_1}, x_{j_3}} \right\rangle \qquad (2.2.2.1.5)$$

olarak yazılır. Tekli ve iki çarpımlı terimlerin hesabı yukarıda yapıldığı gibidir. Üçlü çarpımın olduğu terim hesaplandığında,

$$\left\langle \delta_{x_{i_1}, x_{j_1}} \delta_{x_{i_1}, x_{j_2}} \delta_{x_{i_1}, x_{j_3}} \right\rangle = \left(\frac{1}{2}\right)^3 \qquad (2.2.2.1.6)$$

olduğu görülür. Buradan da,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i \neq C_j^{(1)}, C_i = C_j^{(2)}\right) = \frac{1}{2} - \left(\frac{1}{2}\right)^2 - \left(\frac{1}{2}\right)^2 + \left(\frac{1}{2}\right)^3 = \left(\frac{1}{2}\right)^3 \qquad (2.2.2.1.7)$$

olarak elde edilir.

Benzeri şekilde $P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i \neq C_j^{(1)}, C_i \neq C_j^{(2)}, ..., C_i \neq C_j^{(n-1)}, C_i = C_j^{(n)}\right)$ terimi hesaplanırsa,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i \neq C_j^{(1)}, C_i \neq C_j^{(2)}, ..., C_i \neq C_j^{(n-1)}, C_i = C_j^{(n)}\right) = \left(\frac{1}{2}\right)^{n+1} \qquad (2.2.2.1.8)$$

olarak bulunur. Böylece $P\left(w_{ij} = 1\right)$ olasılığını yazarsak,

$$P\left(w_{ij} = 1\right) = \sum_{n=0}^{l_j - 1} \left(\frac{1}{2}\right)^{n+1} \qquad (2.2.2.1.9)$$

olduğu görülüyor. Buradaki geometrik seri toplamı yapıldığında,

$$P\left(w_{ij} = 1\right) = \frac{1}{2} \sum_{n=0}^{l_j - 1} \left(\frac{1}{2}\right)^n = 1 - \left(\frac{1}{2}\right)^{l_j} \qquad (2.2.2.1.10)$$

olarak elde edilir.

Buraya kadar olan hesaplamalarda $l_j \geq l_i$ verili durumunda $P(w_{ij}=1)$ olasılığının nasıl hesaplanacağını anlatarak bir kaç özel durum için bu olasılık değerini hesapladık. Bunu yapmamızın nedeni genlerin birbirleriyle olan etkileşimlerini karakterize etmek isteyişimizdi. Bir sonraki bölümde bunu yukarıda anlatılanlar aracılığıyla nasıl yapabileceğimizi göstereceğiz.

2.2.3 Komşu Sayısı Dağılımı

W matrisi yardımıyla sistemdeki komşu sayısı dağılımı tayin edildi. İki gen (i'inci ve j'inci genler) birbirine bir veya iki bağ ile bağlıysa, yani $w_{ij}=1$ ve/veya $w_{ji}=1$ ise, bu genler birbirlerine komşu olarak tanımlandı. Bu sebeple iki gen birbirine üç farklı yolla komşu olabilmektedir; eğer i'inci gen j'inci genin içinde yer alıyorsa, veya i'inci gen j'inci geni içinde barındırıyorsa, veya her iki koşulun da gerçekleşmesiyle. Böylece bir gen için üç farklı komşu sayısı belirlenebilir; o genin içinde bulunması nedeniyle komşu olduğu genlerin sayısı (z_O), o genin içinde bulunulması nedeniyle komşusu olan genlerin sayısı (z_I) ve toplam komşu sayısı (z). Bir gen (i'inci gen) için bu sayıları belirlemenin yolu şudur:

$$z_O(i)=\sum_{j\neq i} w_{ij}$$

$$z_I(i)=\sum_{j\neq i} w_{ji} \qquad (2.2.3.1)$$

$$z(i)=(z_O+z_I)-z_{\text{özdeş}}(i)$$

Son ifadedeki üçüncü terim i'inci gene özdeş olan genlerin sayısıdır. Bunlar hem $z_O(i)$'de hem de $z_I(i)$'de olmak üzere iki kere sayılmaktadırlar. $z_{\text{özdeş}}$ da yine W matrisi aracılığıyla şöyle belirlenebilmektedir:

$$z_{\text{özdeş}}(i)=\sum_{j\neq i, l_j=l_i} w_{ij} \qquad (2.2.3.2)$$

Bu ifadedeki toplamın uzunluğu i'ninkine eşit olan genler üzerinden yapıldığına dikkatinizi çekeriz.

Yukarıda verilmiş olan örnek için bu işlemler yapıldığında şöyle bir tablo ortaya çıkıyor:

Tablo 2.2.3.1 Gen numarası (i) ve her genin sahip olduğu farklı tipteki komşu sayısı.

i	1	3	4	5	6	7
$z_O(i)$	2	0	2	2	0	0
$z_I(i)$	1	3	0	1	0	1
$z(i)$	2	3	2	2	0	1

Bu tabloyu daha kolay takip edebilmek için bu sistem için çizilmiş olan şebeke resmine bakarsak, 1. genden çıkan iki ok bu yolla ona bağlı olan 2 gen, giren bir ok ise bu yolla ona bağlı olan 1 gen olduğunu gösteriyor. Toplam komşu sayısının hesabında ise ona bağlı olan farklı genler hesaba katıldığından, 1. genin toplam komşu sayısının 2 olduğu görülüyor.

Her bir gen için bu sayılar belirledikten sonra komşu sayısı dağılımları ve $\langle z \rangle$ değeri hesaplandı.

$$\langle z \rangle = \frac{\sum_{z=0}^{z_{\max}} z \quad n(z)}{\sum_{z=0}^{z_{\max}} n(z)} \quad , \quad \sum_{z=0}^{z_{\max}} n(z) = \begin{pmatrix} \text{sıfır uzunluklu} \\ \text{olmayan gen} \\ \text{sayısı} \end{pmatrix} \qquad (2.2.3.3)$$

Yukarıdaki tablo aracılığıyla bu sistem için komşu sayısı dağılımları hesaplanırsa şöyle bir tablo ortaya çıkar:

Tablo 2.2.3.2 Komşu sayısı (γ) ve o komşu sayısına sahip gen sayısı $n(\gamma)$, $\langle z \rangle = {}^{10}\!/_{6}$

γ	$n(z_O = \gamma)$	$n(z_I = \gamma)$	$n(z = \gamma)$
0	3	2	1
1	0	3	1
2	3	0	3
3	0	1	1

Şimdi, analitik olarak z_O dağılımının nasıl elde edilebileceğine bakalım. Burada bir önceki bölümde elde edilen sonuçlar kullanılacaktır.

l_i ve l_j verili olmadığı durumda i'inci genin j'inci gen içinde olmasının olasılığına $\widetilde{P}\left(w_{ij}=1\right)$ dersek bu,

$$\widetilde{P}\left(w_{ij}=1\right)=\Theta\left(l_i-l_j\right)P\left(w_{ij}=1\right)$$
$$\Theta\left(l_i-l_j\right)=\begin{cases}1\,, & l_j\geq l_i\\ 0\,, & l_j\langle l_i\end{cases} \qquad (2.2.3.4)$$

olarak yazılabilir.

Verili bir kromozom diziliminde l_i uzunluklu bir gen bulma olasılığı $\mathcal{P}\left(l_i\right)=p\left(1-p\right)^{l_i}$ olarak bulunmuştu. Bu durumda, iki dizilimin l_i ve l_j uzunluklu birer gen olması ve i'inci genin j'inci gen içinde bulunmasının olasılığı $\mathcal{P}\left(w_{ij}=1\right)$,

$$\mathcal{P}\left(w_{ij}=1\right)=\mathcal{P}\left(C_i\in C_j\right)=\mathcal{P}\left(l_i\right)\mathcal{P}\left(l_j\right)\Theta\left(l_i-l_j\right)P\left(w_{ij}=1\right) \qquad (2.2.3.5)$$

şeklinde hesaplanır.

N_2'nin verili olduğu bir kromozom diziliminde, $\{l_i\}\equiv\left(l_1,l_2,.....,l_{N_2}\right)$'yi gen uzunluklarının alabileceği değerlerin bir gerçekleşiminin seti olarak tanımlarsak, $\{l_i\}$ setinin tüm gerçekleşimlerinin sayısı $N_{\{l_i\}}$,

$$N_{\{l_i\}}=\binom{L}{N_2}=\frac{L!}{N_2!\left(L-N_2\right)!} \qquad (2.2.3.6)$$

olarak hesaplanır. Şimdi de, $\{l_i\}$ seti veriliyken, bir genin N_2-1 genden n tanesinin içinde bulunması olasılığını hesaplayabilmek için C_n diye bir set tanımlayalım. Bu set, $C_n\equiv\left(C_{j_1},C_{j_2},C_{j_3},.....,C_{j_n}\right)$, i'inci gen dışındaki N_2-1 genden, i'inci genin içinde yer alabileceği n tane geni içerir. Bu şekilde oluşturulabilecek setlerin sayısı N_{C_n},

$$N_{C_n} = \binom{N_2 - 1}{n} \tag{2.2.3.7}$$

olarak yazılır. i'inci genin bir C_n seti içindeki tüm dizilimlerin içinde yer alıp bu set dışındaki genlerin içinde yer almamasının olasılığı i'inci genin z_O değerinin n olmasının olasılığını verir. Bu olasılığı ($\mathcal{P}_i(z_O = n)$'yi) şöyle hesaplarız:

$$\mathcal{P}_i(z_O = n) = \sum_{C_n} \mathcal{P}\left(C_i \in \left(C_{j_1}, C_{j_2}, C_{j_3}, ..., C_{j_n}\right),\ C_i \notin \left(\{C_j\} \notin C_n\right)\right) \tag{2.2.3.8}$$

Buradaki tüm, $m = 1, 2, 3, ..., N_2$ olmak üzere C_m setleri birbirlerinden bağımsız olduğu için bu ifade,

$$\mathcal{P}_i(z_O = n) = \sum_{C_n}\left[\left(\prod_{C_j \in C_n} \mathcal{P}\left(C_i \in C_j\right)\right)\prod_{C_j \notin C_n} \mathcal{P}\left(C_i \notin C_j\right)\right] \tag{2.2.3.9}$$

şeklinde yazılabilir. Bu ifadeyi daha açık yazacak olursa,

$$\mathcal{P}_i(z_O = n) = p^{N_2}(1-p)^{L-N_2} \sum_{C_n}\Bigg[\ \left(\prod_{C_j \in C_n} \Theta\left(l_i - l_j\right) P\left(C_i \in C_j\right)\right) \left(\prod_{C_j \notin C_n} \Theta\left(l_i - l_j\right) P\left(C_i \notin C_j\right)\right)\ \Bigg] \tag{2.2.3.10}$$

şeklini alır.

Bunu da formel olarak elde ettikten sonra N_2 değerinin belirli olduğu sistemde $\mathcal{P}(z_O = n)$ büyüklüğünü şu şekilde hesaplayabiliriz:

$$\mathcal{P}(z_O = n) = \frac{1}{N_{\{l_i\}}} \sum_{\{l_i\}}{}' \frac{1}{N_2}\left(\sum_{i=1}^{N_2} \mathcal{P}_i(z_O = n)\right) \tag{2.2.3.11}$$

$\{l_i\}$ setleri üzerinden olan toplama işleminin tepesine koyduğumuz kesme işareti bu toplamın koşullu olduğunu göstermektedir. Bu koşul,

$$\sum_{i=1}^{N_2} l_i = L - N_2 \qquad (2.2.3.12)$$

oluşudur. Son olarak da sistemdeki z_O dağılımı ($\mathcal{P}(z_O)$),

$$\mathcal{P}(z_O) = \sum_{n=0}^{N_2-1} \mathcal{P}(z_O = n)\delta(z_O - n) \qquad (2.2.3.13)$$

olarak elde edilir.

Buraya kadarki kısımda $\mathcal{P}(z_O)$ dağılımının nasıl hesaplanacağını formel olarak vermiş bulunuyoruz. Genel l_i, l_j değerleri için bu hesabı basitleştirmemiz mümkün olmadığından bu dağılım için MC yöntemiyle elde ettiğimiz sonuçları sunacağız.

2.2.4 Küme Büyüklüğü Dağılımı

Küme, birbirine bağlı olan genlerden oluşmuş yapıları tanımlamaktadır. W matrisi aracılığıyla gen şebekesi belirlendikten sonra bu şebekede yer alan kümeler ve küme büyüklükleri (s) ve böylece de, küme büyüklüklerinin dağılımı ($n(s)$) tayin edildi.

Yukarıdaki şekilde verilmiş olan şebeke içinde iki ayrı kümenin olduğu görülüyor. Birinci küme, elemanları 1., 3., 4., 5. ve 7. genler olmak üzere büyüklüğü (yani o kümede bulunan genlerin sayısı) 5 olan bir küme. İkinci küme ise büyüklüğü 1 olan ve yalnızca 6. geni içeren küme.

Küme büyüklüğü dağılımının belirlenmesinin ardından ortalama küme büyüklüğü ($\langle s \rangle$) hesaplandı.

$$\langle s \rangle = \frac{\sum_{s=1}^{s_{\max}} s \;\; n(s)}{\sum_{s=1}^{s_{\max}} n(s)} \quad , \quad \sum_{s=1}^{s_{\max}} s \;\; n(s) = \begin{pmatrix} \text{kromozom üzerinde} \\ \text{sıfır uzunluklu olmayan} \\ \text{gen sayısı} \end{pmatrix} \qquad (2.2.4.1)$$

Yukarıdaki örnek için bu yapıldığında $s = 1,2,3,4,5$ için $n(s) = 1,0,0,0,1$ olarak, $\langle s \rangle = \frac{6}{2}$ olarak bulunur.

3. MODELİN MC SİMÜLASYONU ve SONUÇLAR

3.1 Bir Kromozom Dizilimi Gerçekleşiminin Oluşturulması

Simülasyonda genlerin üzerinde bulunacağı kromozom dizilimini L uzunluğunda bir boyutlu bir dizi olarak tanımladık. Kromozomun herhangi bir gerçekleşimini (yani $t = 0$'daki durumunu) belirlemek için kromozom elemanlarını ($i = 1$'den L'ye kadar) sırayla taradık. Her bir i konumunda 0 ile 1 arasında rastgele bir sayı tuttuk, eğer bu sayı p aralığındaysa o elemanın değerini 2, p ile $p + \frac{1-p}{2}$ aralığındaysa 0, $p + \frac{1-p}{2}$ ile 1 aralığındaysa 1 olarak tanımladık. Bu işlemin sonunda kromozom diziliminin tüm elemanlarının değerleri belirlenmiş olur.

3.2 Nokta Mutasyonların Elde Edilmesi

Verili bir kromozom diziliminin bir başka gerçekleşimini elde edebilmek için (yani $t \to t + \Delta t$, $\Delta t = 1$ anındaki durumunu belirlemek için) kromozomu mutasyona uğrattık.

Mutasyona uğratma işlemini şu şekilde yaptık: Kromozom üzerindeki elemanları tek tek ($i = 1$'dan $i = L$'ye kadar) taradık, eğer i'inci konumda yer alan elemanın değeri (x_i) 0 veya 1 ise o elemanı α olasılıkla $(x_i + 1)_{\mathrm{mod}\,2}$ olarak değiştirdik, böylece $x_i \to (x_i + 1)_{\mathrm{mod}\,2}$ olur. Eğer i'inci konumada yer alan elemanın değeri 2 ise bu elemanın değerini de yine α olasılıkla rastgele belirlenmek üzere sağındaki ya da solundaki elemanın değeriyle yer değiştirdik, böylece $x_i \to x_{i+1}$ ve $x_{i+1} \to x_i$ veya $x_i \to x_{i-1}$ ve $x_{i-1} \to x_i$ olur. Simülasyonda $\alpha = 0.01$ olarak alındı. Bu işlemin sonunda gen sayısı aynı kalmak üzere farklı bir kromozom dizilimi (yani gerçekleşim) elde edilir.

Kromozom diziliminin elde edilmesinin ardında bu dizilimdeki genler belirlenerek, modelde tanımlanmış olan W matrisini oluşturmak yoluyla bu sistemin karakterizasyonu için gerekli olan büyüklükler hesaplandı.

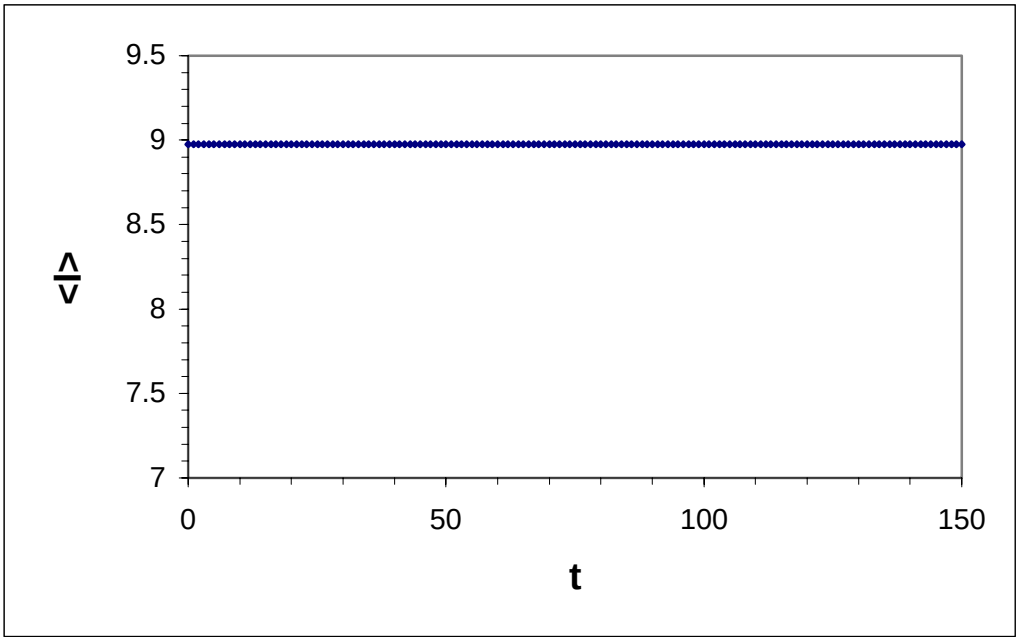
3.3 Gen Dizilerinin ve Genlerin Uzunluk Dağılımlarının Tespiti

Kromozom dizilimini belirledikten sonra bu dizilim üzerindeki gen dizilerini tespit ettik. Bunu yapmak için, kromozom elemanlarını sırayla taradık (bu, periyodik sınır koşulları sebebiyle saat yönünde ilerlemeye eşdeğer) ve her bir genin başlangıcı olan konumları belirledik. Bir genin başlangıcını o dizilimin hemen öncesinde yer alan değeri 2 olan elemanlar belirlediğinden bu işlem, kromozom üzerindeki 2'lerin konumlarını belirlemekten ibarettir. Bundan sonra, ilk 2'nin bulunduğu yerden ikinci 2'nin bulunduğu yere kadar olan dizilim 1'inci gen dizilimi, ikinci 2'nin bulunduğu yerden üçüncü 2'nin bulunduğu yere kadar olan dizilim 2'inci gen dizilimi olarak belirlendikten sonra, bu işlem son gen dizilimi de elde edilene kadar yapılırsa son gen dizilimi, son değeri 2 olan eleman ile ilk 2 değerine sahip eleman arasına yerleşmiş olan dizilim olarak belirlendi. Bu işlemin sonunda kromozom üzerindeki tüm gen dizileri belirlenmiş olur. Kromozom üzerindeki genlerin sayısı bu dizilimdeki değeri 2 olan elemanların sayısına (N_2) eşittir.

Kromozom dizilimini genlere ayrıştırma işlemi yapıldıktan sonra her bir genin uzunluğu (l_i) (yani eleman sayısını) ve genlerin uzunluk dağılımları ($n(l)$) tespit edildi. Bu dağılımın tespit edilmesinden sonra ise ortalama gen uzunluğunu ($\langle l \rangle$) belirlendi.

Simülasyonda $L = 5 \times 10^3$, $p = 0.1$ olarak alındı ve sistemin davranışı $t[0,150]$ aralığında incelendi. Ortalama değerler ve dağılımlar farklı başlangıç koşuluna sahip 500 gerçekleşim için ayrı ayrı hesaplanarak bu sayı üzerinden ortalamaları alındı.

3.3.1 Ortalama Gen Uzunluğunun Zaman İçindeki Davranışı

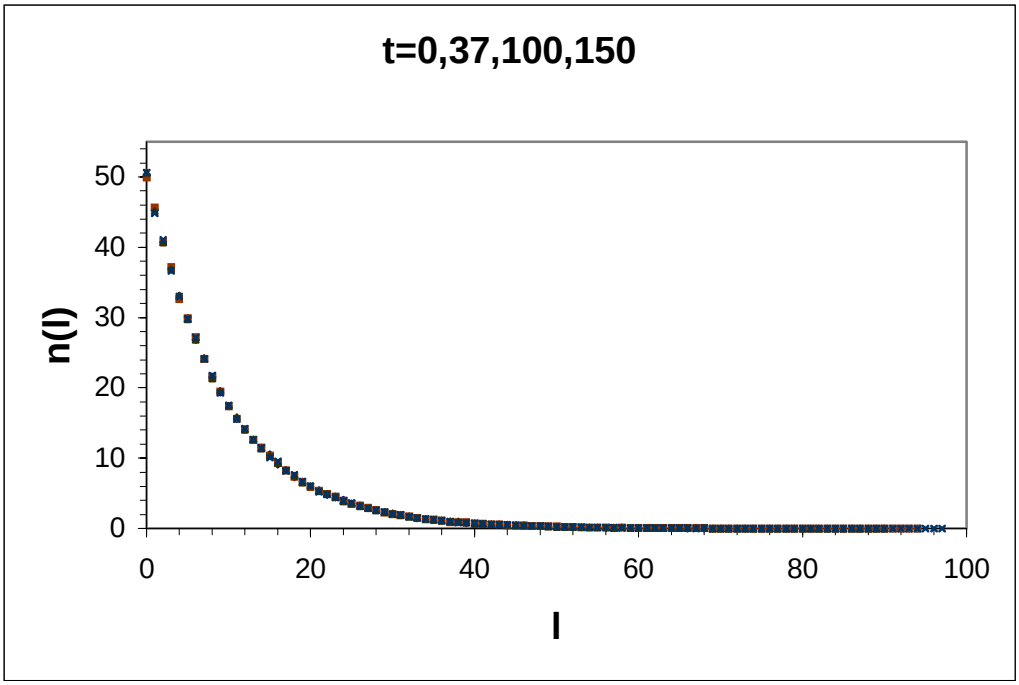


Şekil 3.3.1.1 Ortalama gen uzunluğu $\langle l \rangle$'nin zaman içinde sabit kaldığının gözlenmesi.

Grafikten $\langle l \rangle$'nin zaman içinde değişmediği görülüyor. Bunu şu şekilde anlayabiliriz: Ortalama gen uzunluğu, $\langle l \rangle = \frac{L - N_2}{N_2}$, N_2'nin bir fonksiyonudur. Mutasyon kuralımıza göre, değeri 2 olan elemanlar belli bir olasılığa bağlı olarak kromozom üzerinde Brownian hareket yapmakta olup sayıları sabit tutulmaktadır. Bu nedenle de ortalama gen uzunluğu bu mutasyon kuralı altında, verili bir başlangıç koşulu için, değişmez, sabit kalır. Simülasyondan elde ettiğimiz ortalama gen uzunluğu değeri $\langle l \rangle = 8.98$ olup bu değer, analitik hesaplamalardan elde edilen $\langle l \rangle_{analitik} = 9$ değerle uyum içindedir.

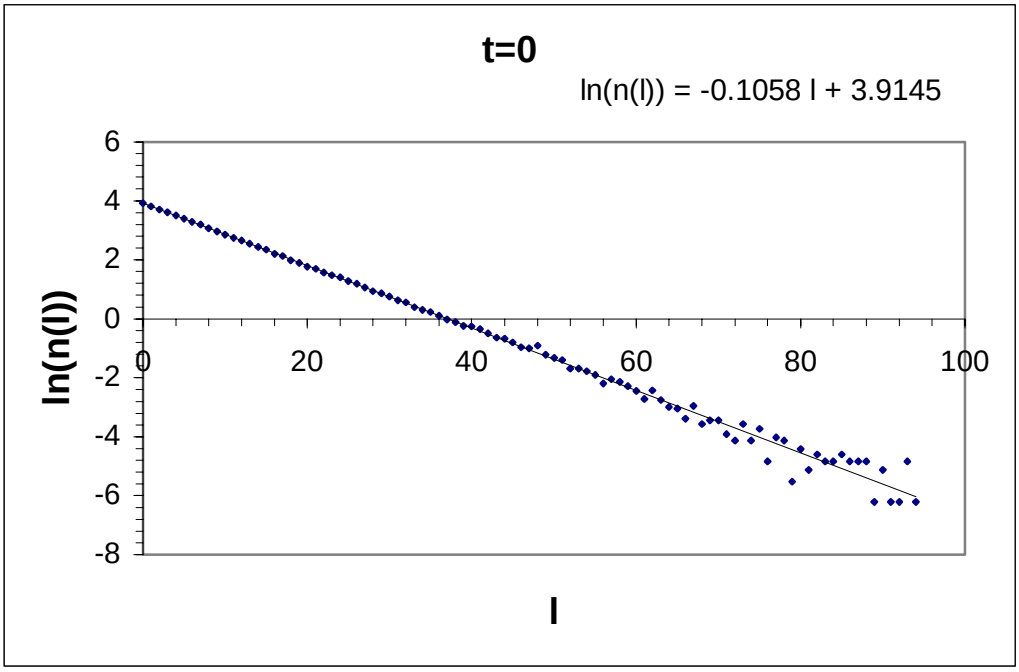
3.3.2 Gen Uzunluğu Dağılımı

Burada farklı t değerleri ($t = 0,37,100,150$) için elde edilmiş olan değerlerin üst üste koyulmasıyla elde edilen grafik yer alıyor.

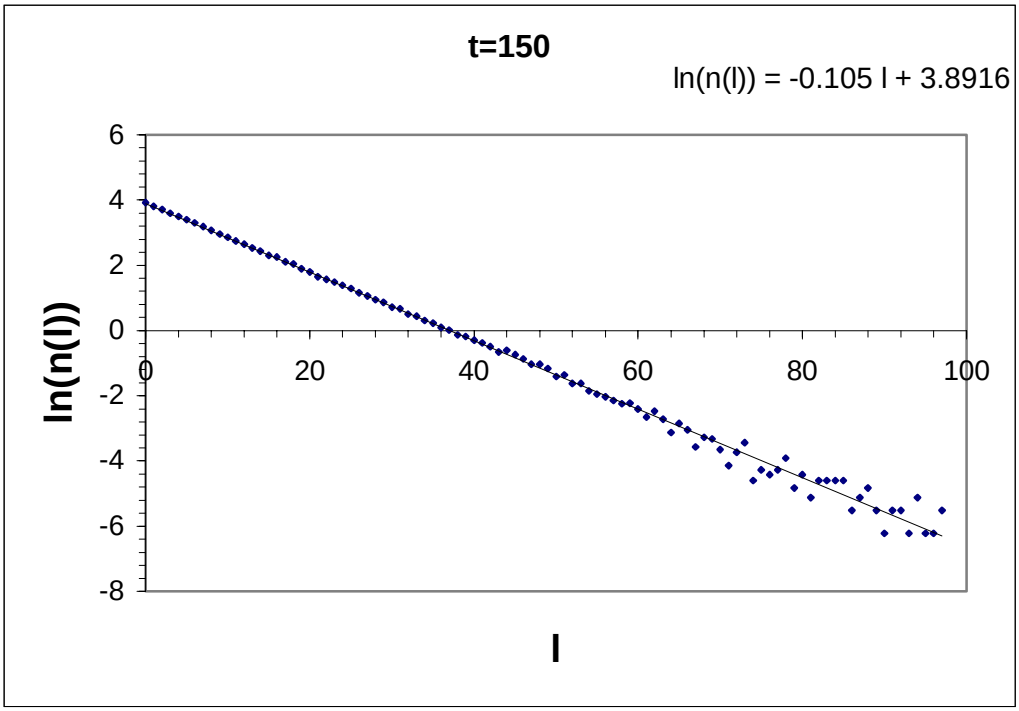


Şekil 3.3.2.1 $t = 0,37,100,150$ için elde edilen verilerin üst üste koyulmasıyla çizilmiş olan $n(l)$'nin l'ye göre grafiği.

Dikkat edilecek olursa, l dağılımının karakterinin zaman içinde değişmediği görülüyor. Bu model için yapılan analitik hesaplamalarda $n(l)$'nin (2.2.1.4) denklemiyle verilmiş olan eksponansiyel davranışı göstereceği bulunmuştu. Şimdi, simülasyondan elde edilen veri aracılığıyla bu tür bir davranışın gözlenip gözlenmediğine bakalım.



Şekil 3.3.2.2 $t=0$ için $l[0,94]$ aralığında çizilmiş olan $\ln(n(l))$'nin l'ye göre grafiği ve grafikteki veriye lineer bir "fit" yapılarak elde edilmiş olan $n(l)$ ile l arasındaki ilişki. Grafikteki noktalar veri değerlerini çizgi ise "fit" edilmiş olan doğruyu gösteriyor.



Şekil 3.3.2.3 $t=150$ için $l[0,97]$ aralığında çizilmiş olan $\ln(n(l))$'nin l'ye göre grafiği ve grafikteki veriye lineer bir "fit" yapılarak elde edilmiş olan $n(l)$ ile l arasındaki ilişki. Grafikteki noktalar veri değerlerini çizgi ise "fit" edilmiş olan doğruyu gösteriyor.

Bu iki grafikten de görüldüğü üzere $n(l)$, $n(l) = A\mathrm{e}^{-bl}$ şeklinde bir davranışa sahiptir, burada b değeri $t = 0$ için çizili grafikten $b = 1.058$, $t = 150$ için çizilen grafikten ise $b = 1.05$ olarak bulunur. Analitik olarak yapılan hesaplardan $b_{analitik} = \ln(1-p)$ olarak elde edilmişdi. Sayısal hesaplardan elde edilen b değerleri analitik olarak elde edilen değerle karşılaştırıldığında , bu değerlerin analitik olarak elde edilen değerle, $b_{analitik} \approx 1.054$ uyum içinde olduğu görülür.

Gen dizilimlerinin elde edilmesinin ardından genlerin birbirleriyle olan etkileşimlerinin temsil edildiği matrisi, W'yı oluşturduk. Bunu yapmak için $i = 1$'den N_2'ye kadar tüm genleri tek tek, diğer genlerin içinde aradık. Eğer i'inci gen, uzunluğu onunkinden büyük ya da eşit olan bir $j \neq i$ geninin l_i uzunluklu kesintisiz bir ya da daha fazla alt dizisinde bulunuyorsa w_{ij}'yi 1, bulunmuyorsa 0 olarak atadık. Böylece etkileşim matrisinin tüm elemanları belirlenmiş olur.

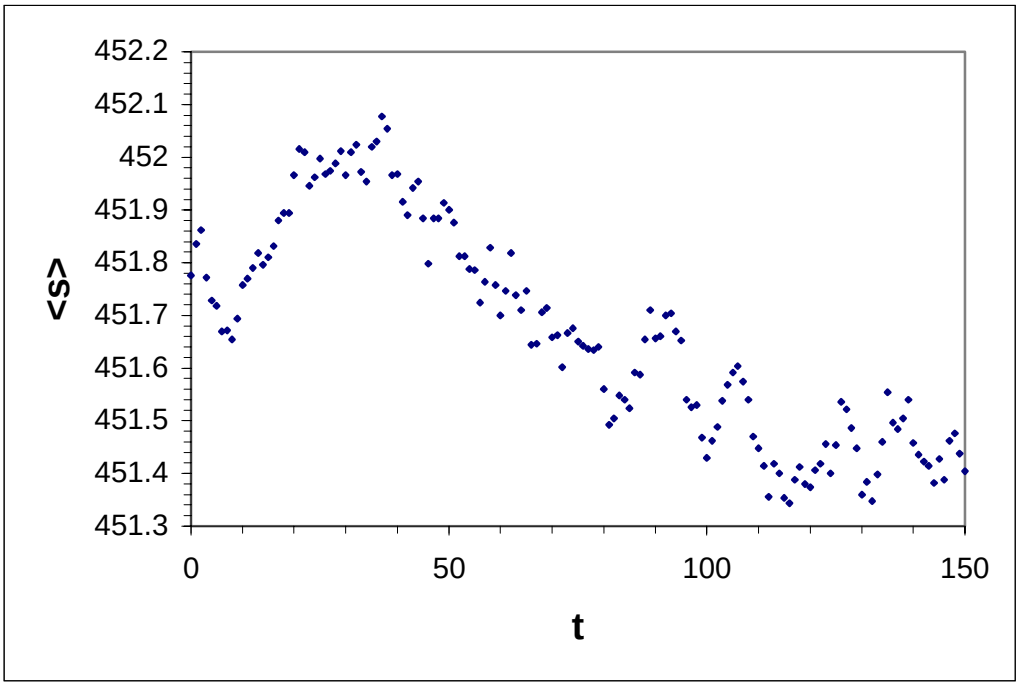
3.4 Kümelerin ve Küme Büyüklüğü Dağılımının Tayini

Daha sonra W matrisi aracılığıyla bu sistemdeki küme adını verdiğimiz ve birbirine bu matris aracılığıyla bağlı olan genlerin oluşturduğu yapıların sayısını ve büyüklüğünü (eleman sayısını) tespit ettik. Kümeleri şöyle belirledik: Genleri 1. genden başlayarak tek tek taradık. Uzunluğu sıfırdan farklı olan ilk geni birinci kümenin ilk elemanı olarak atadıktan sonra, W matrisinde bu genin etkileşimlerinin temsil edildiği satır ve sütunda yer alan elemanlara bakarak, bu elemanların işaret ettiği tüm farklı genleri bu kümeye dahil ettik. Daha sonra bu küme içinde yer alan diğer genlerin etkileştiği genleri de bu kümeye dahil edebilmek için W matrisinin ilgili satır ve sütunlarına baktık. Eğer bu satır ve sütunlarda yer alan elemanlar daha önce bu kümeye dahil edilmiş olan genlerden farklı genlere işaret ediyorlarsa o genleri de bu kümenin elemanı olarak atadık. Bu işlemi bu kümeye dahil olması gereken son geni de tespit edene kadar yaptık. Sonra, uzunluğu sıfırdan farklı olan ikinci gene baktık ve eğer bu gen birinci kümeye dahil edilmemişse, onu da ikinci kümenin ilk elemanı olarak belirledikten sonra birici kümeyi belirlemek için yapılan işlemlerin aynısını bu küme için de tekrarladık. Eğer bu gen birinci kümeye dahil edilmişse birinci kümeye dahil edilmeyen, uzunluğu sıfırdan farklı ilk geni belirledik ve bunu, ikinci kümenin ilk elemanı olarak atadıktan sonra benzeri işlemleri bu küme

için yaptık. Anlatılan bu işlemleri, uzunluğu sıfırdan farklı olan tüm genler bir kümeye dahil oluncaya kadar sürdürdük. Uzunluğu sıfır olan genler hiç bir kümeye dahil edilmedi. Bu işlemin sonunda kümeler, elemanlanlarıyla birlikte belirlenmiş oldu.

Bundan sonra küme büyüklükleri (s) ve böylece de küme büyüklüğü dağılımı ($n(s)$) tespit edildi. $n(s)$, 500 gerçekleşim içinde s büyüklüğünde kümelere rastlanma sıklığının 500'e bölünmesinden elde edildi. Simülasyon sonunda sistemde tek bir küme oluştuğu görüldü. Bu durumda küme büyüklüğü doğrudan doğruya sıfırdan farklı uzunlukta olan genlerin sayısını vermektedir, ve bu nedenle zaman içinde küçük dalgalanmaların dışında sabit kalmaktadır.

3.4.1 Ortalama Küme Büyüklüğünün Zaman İçindeki Değişimi



Şekil 3.4.1.1 Ortalama küme büyüklüğü $\langle s \rangle$'nin zaman içinde değişimi.

Grafikten görüldüğü gibi $\langle s \rangle$ zaman içinde dalgalanmaktadır, fakat dikkat edilecek olursa değişim 150 zaman adımında ancak 10^{-3} mertebesinde bir dalgalanmadan ibarettir. Simülasyon sonuçlarından, bu şekilde tanımlanmış bir modelde her bir kromozom için uzunluğu sıfırdan farklı olan tüm genleri içeren tek bir küme oluştuğu görüldü. Bu kümede her eleman diğer elemanların tümüne bağlı değildir.

Böyle tek bir küme oluşmasının, uzunluğu 1 olan genlerden kaynaklandığını düşünüyoruz. Çünkü bu genler, eğer denklem (2.2.2.1.10)'a bakılırsa, uzunluğu birden büyük genlerin neredeyse tümümünün içerisinde kendilerini bulabilmektedirler. Bu da dolaylı yoldan tüm genleri birbirine bağlamaktadır. Bu bilindiğinde, $\langle s \rangle$'nin zaman içindeki değişimi şu şekilde açıklanabilir:

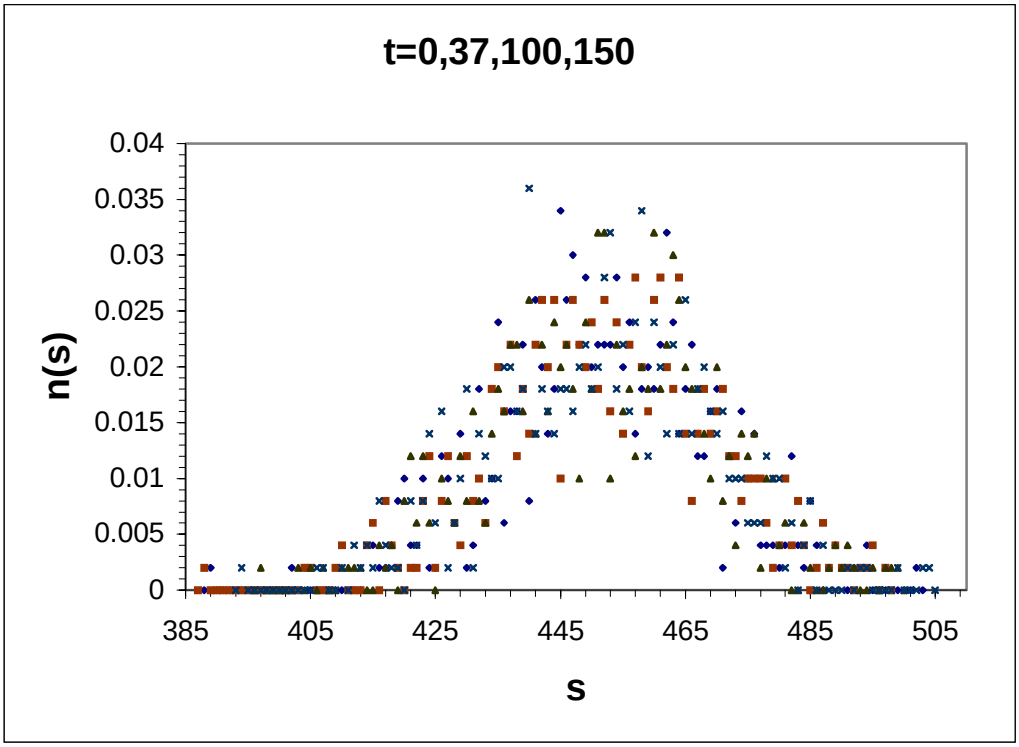
Yanyana bulunan 2'lerin mutasyon işlemiyle hareket etmesi sonucu, t anında sıfır uzunluklu olan genler $t+1$'de sıfırdan farklı uzunluğa sahip hale gelebilirler. Bu yolla uzunluğu sıfırdan farklılaşan bu genler de, var olan kümeye dahil olarak küme büyüklüğüne katkıda bulunurlar.

Yine, değeri 2 olan elemanların yayılması (hareket etmesi) sonucu uzunluğu sıfırdan farklı olan genler, özellikle kısa olan genler, sıfır uzunluklu hale gelebililer. Bu da o genlerin kümeden silinmesi ve böylece de, küme büyüklüğünü düşürmesi anlamına gelir.

Böylece, bu dalgalanmalar sıfır uzunluklu gen sayısının zaman içinde değişmesinden kaynaklanmaktadır.

3.4.2 Küme Büyüklüğü Dağılımı

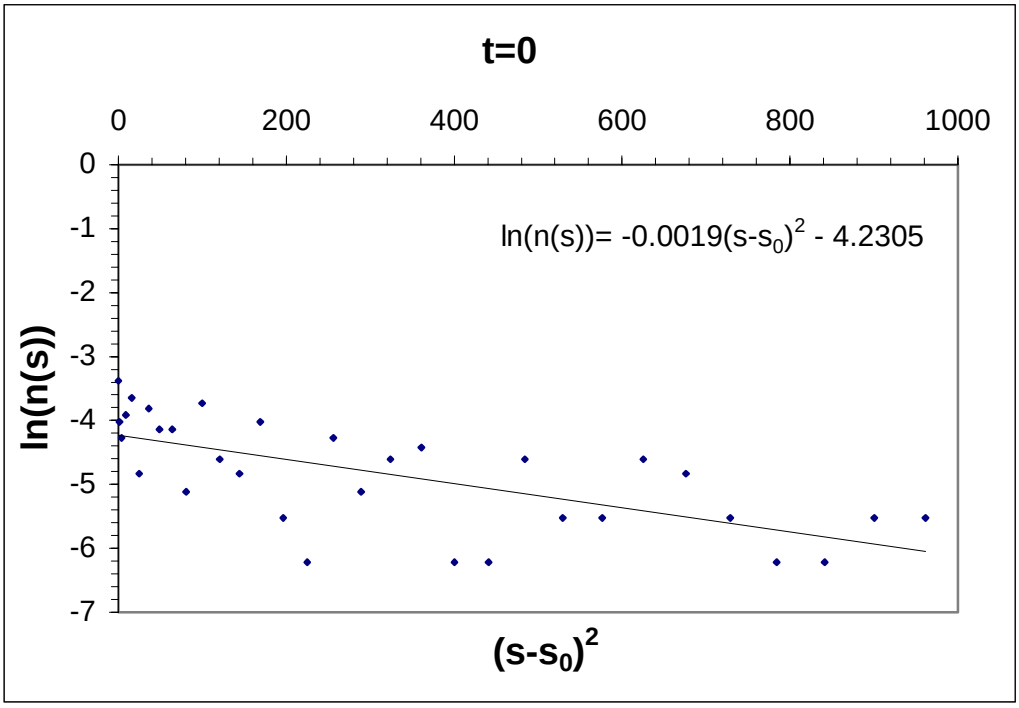
Burada farklı t değerleri ($t = 0,37,100,150$) için elde edilmiş olan değerlerin üst üste koyulmasıyla elde edilen grafik yer alıyor.



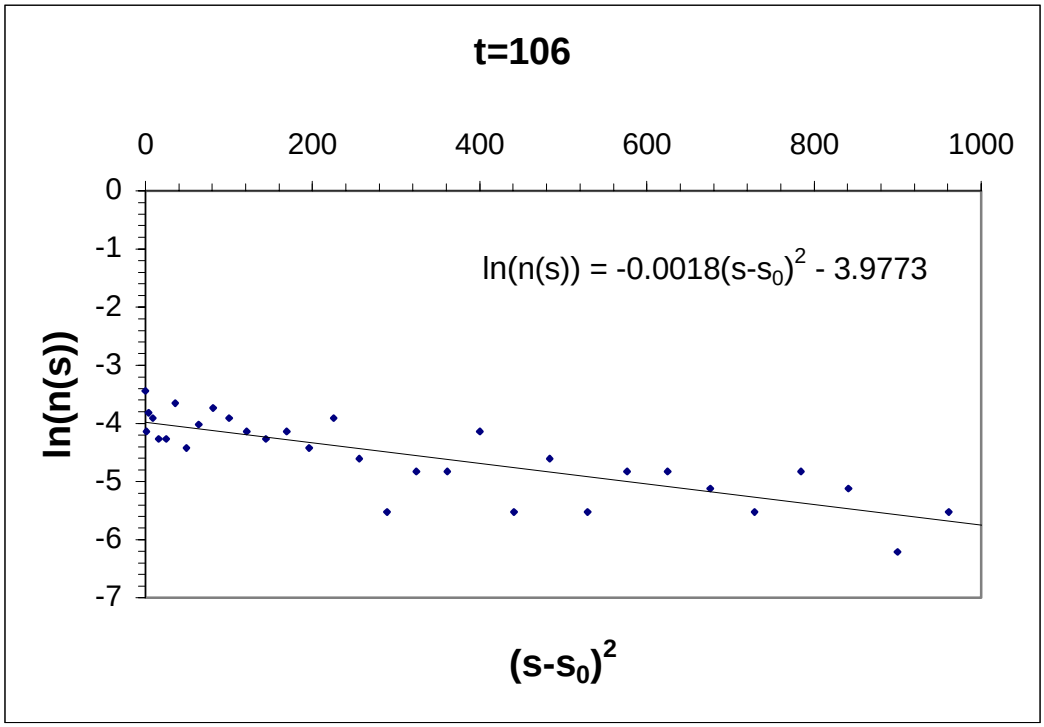
Şekil 3.4.2.1 $t = 0,37,100,150$'de alınan noktaların üst üste koyulmasıyla çizilmiş olan $n(s)$'nin s'ye göre grafiği. Gösterilen aralığın dışında $n(s)$ sıfırdır.

Grafiğe bakıldığında s dağılımının karakteristiğinin zaman içinde niteliksel olarak değişmediğini ve oldukça dar bir aralıkta yer aldığını görüyoruz. Grafikdeki noktalar çok dalgalı olmakla birlikte, bunun üzerinden ortalama aldığımız gerçekleşim sayısı olan 500'ün yetersiz gelmesinden kaynaklandığını düşünüyoruz.

Bu grafiklere bakıldığında ilk akla gelen soru bunların Gaussyen bir dağılıma uyup uymadıklarıdır. Eğer bu dağılımlar Gaussyen ise dağılımdaki maksimum noktaları (s_o) bulunarak $\ln(n(s))$'nin $(s - s_0)^2$'ne göre grafikleri çizidiğinde, ortaya çıkan grafiklerdeki noktaların lineer bir davranışa sahip olması gerekir. Şimdi bu grafiklere bakalım.



Şekil 3.4.2.2 $t=0$ için $s[414,445]$ aralığında çizilen $\ln(n(s))$'nin $(s-s_0)^2$'ye göre olan grafiği, ve yapılan lineer "fit" sonunda elde edilen doğrunun denklemi (burada $s_0=445$).



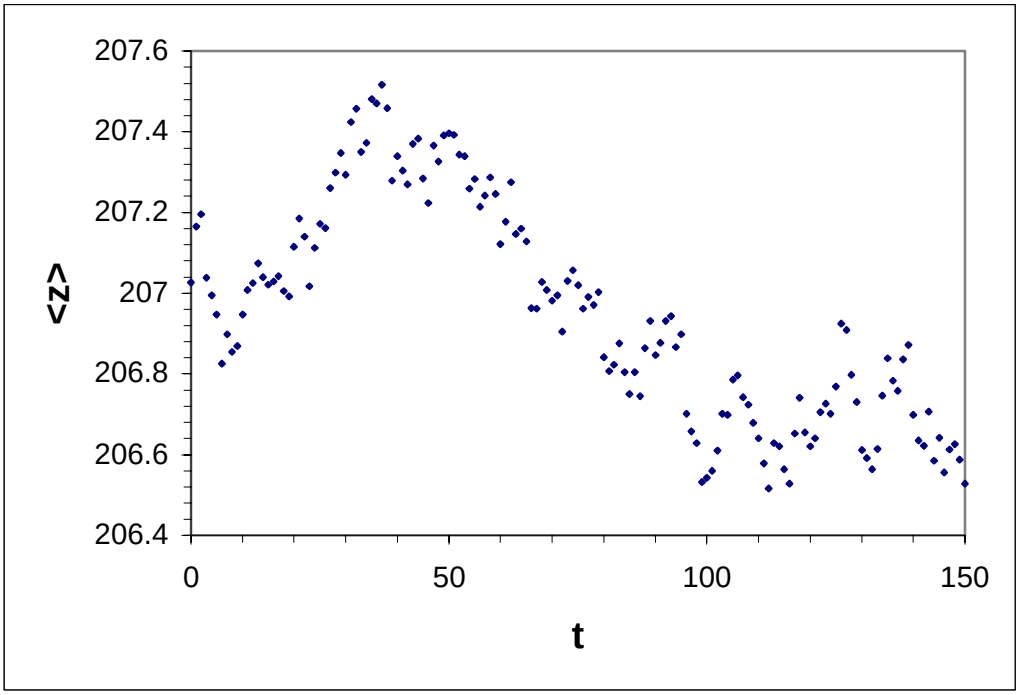
Şekil 3.4.2.3 $t=106$ için $s[416,448]$ aralığında çizilen $\ln(n(s))$'nin $(s-s_0)^2$'ye göre olan grafiği, ve yapılan lineer "fit" sonunda elde edilen doğrunun denklemi (burada $s_0=448$).

Elde edilen Gauss dağılımının standart sapması 0.0016 ± 0.0004'den yaklaşık olarak 18 ± 2 olarak bulunmaktadır. Bu grafiklerden görülüyor ki, noktalar çok dalgalı bir davranış göstermekle birlikte lineer bir doğru etrafında dağılmaktadırlar. Gerçekleşim sayısının arttırılması durumunda daha az saçılım gösteren sonuçlar elde edilebilir.

3.5 Komşu Sayısı Dağılımlarının Tayini

Küme büyüklüğü dağılımının belirlenmesinin ardından her bir gen için farklı tipteki komşu sayıları (z_O, z_I ve z) belirlendi. i'inci genin sahip olduğu 'O' tipi komşuların sayısı olan z_O'u belirlemek için W matrisinin i'inci satırına bakıp bu genin içinde bulunduğu genlerin sayısını, yani bu satırdaki 1'lerin sayısını tespit ettik. i'inci sütun aracılığıyla da 'I' tipi komşuların sayısını, yine bu sütundaki 1'lerin sayısını belirlemek yoluyla bulduk. Toplam komşu sayısını ise 'I' ve 'O' tipi komşu sayılarının toplamından i'inci gene özdeş olan genlerin sayısını çıkararak belirledik. Herbir gen için bu tespitler yapıldıktan sonra sistemdeki komşu sayısı dağılımları ($n(z_O)$, $n(z_I)$ ve $n(z)$) ve elde edilen z dağılımından faydalanılarak da ortalama komşu sayısı ($\langle z \rangle$) hesaplandı.

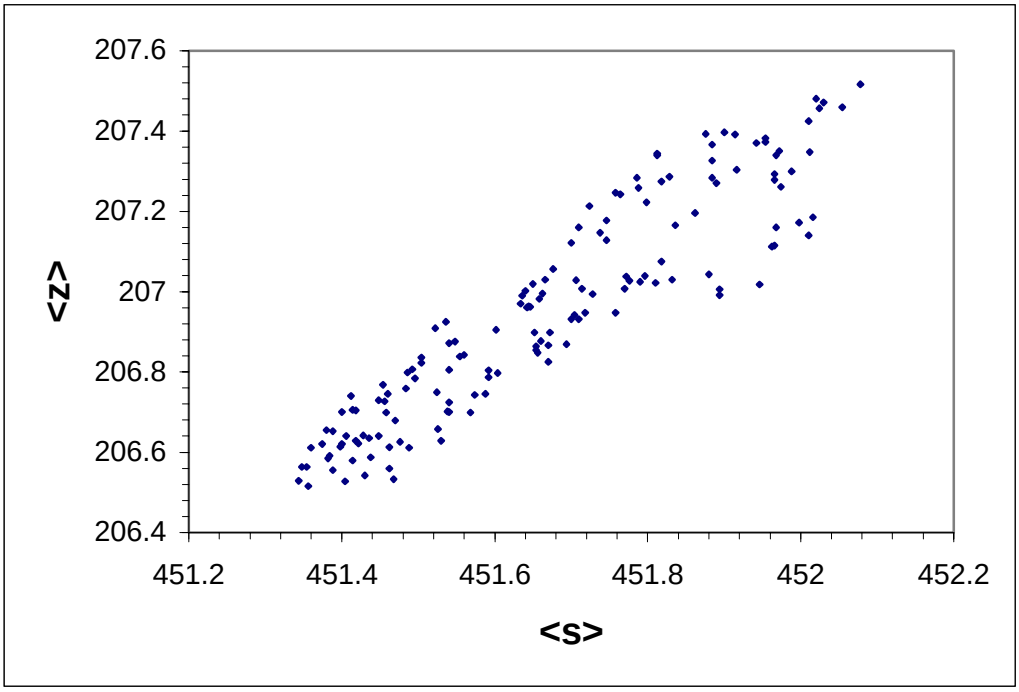
3.5.1 Ortalama Komşu Sayısının Zaman İçindeki Değişimi



Şekil 3.5.1.1 Oralama komşu sayısı $\langle z \rangle$'nin zman içindeki değişim grafiği.

Grafikten görüldüğü gibi $\langle z \rangle$ değerleri zaman içinde dalgalanmaktalar, fakat bu dalgalanmaların çok küçük olduğuna dikkatinizi çekmek isteriz. Bu dalgalanmalar da $\langle s \rangle$'de olduğu gibi yine, 2 değerli elemanların hareket etmesi sonucu sıfır uzunluklu gen sayısının zamanla değişiminden kaynaklanmaktadır. Eğer $\langle s \rangle$'nin zaman içinde değişim grafiğine bakılırsa, $\langle z \rangle$'nin $\langle s \rangle$'yi takip eder biçimde değiştiği görülüyor.

Şimdi, $\langle s \rangle$ ile $\langle z \rangle$ arasındaki ilişkiyi anlamak için $\langle z \rangle$'nin $\langle s \rangle$'ye göre çizilmiş olan grafiğine bakalım.

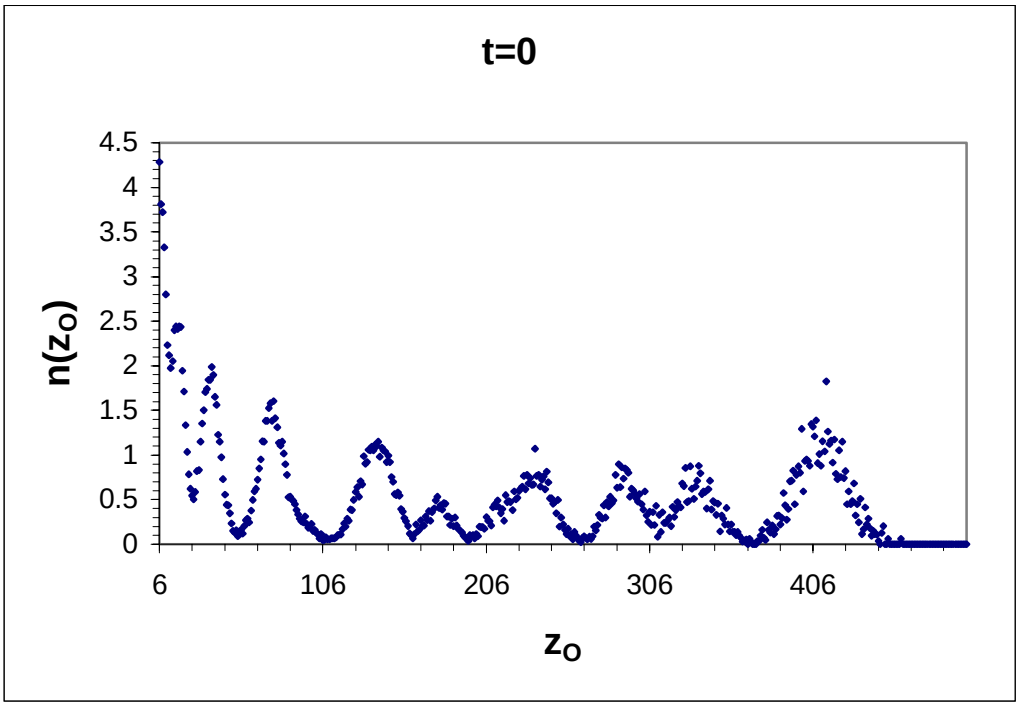


Şekil 3.5.1.2 $\langle z \rangle$'nin $\langle s \rangle$'ye göre çizilmiş olan grafiği.

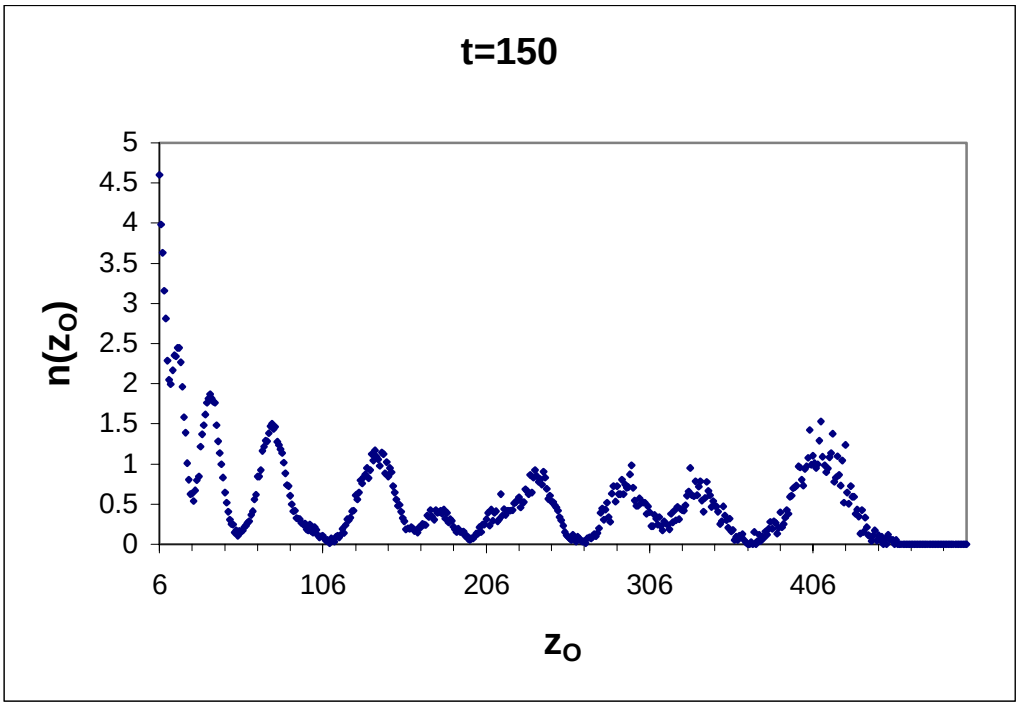
$\langle z \rangle$ ile $\langle s \rangle$ arasında matematiksel bir ifadeyi $\langle z \rangle = p_b(\langle s \rangle - 1)$ olarak yazmayı bekleriz. Tek bir küme içinde tüm elemanların birbirine bağlı olduğu durumda $\langle z \rangle$ alabileceği maksimum değere sahip olacaktır, yani $\langle z \rangle = z_{\max} = \langle s \rangle - 1$ olur. Fakat böyle olmadığını, simulasyon sonunda çıkan sonuçlardan biliyoruz. Demek ki $\langle z \rangle$ alabileceği maksimum değerden bir ölçüde seyreltilmiş bir bağcık yoğunluğuna karşı geliyor. Bunu, genler arasındaki bağlar belli bir olasılıkla $(1 - p_b)$ kopartılmış gibi düşünebiliriz. Bu durumda $\langle z \rangle$, $\langle z \rangle = p_b(\langle s \rangle - 1)$ olacak şekilde davranacaktır. Her t değeri için $\dfrac{\langle z \rangle}{\langle s \rangle - 1}$ oranını hesaplanıp bu değerler üzerinden ortalama aldığımızda genlerin bağlanma olasılığı p_b, $p_b \approx 0.46$ olarak bulduk. Yani tüm genleri ihtiva eden tek kümenin elemanlarının birbirlerine doğrudan bağlı olma olasılığının yaklaşık %50 olduğu bir "small world" şebekeden söz etmemiz olanaklıdır.

3.5.2 z_O Dağılımı

Burada farklı t değerleri ($t = 0,150$) için çizilmiş olan grafikler yer alıyor.



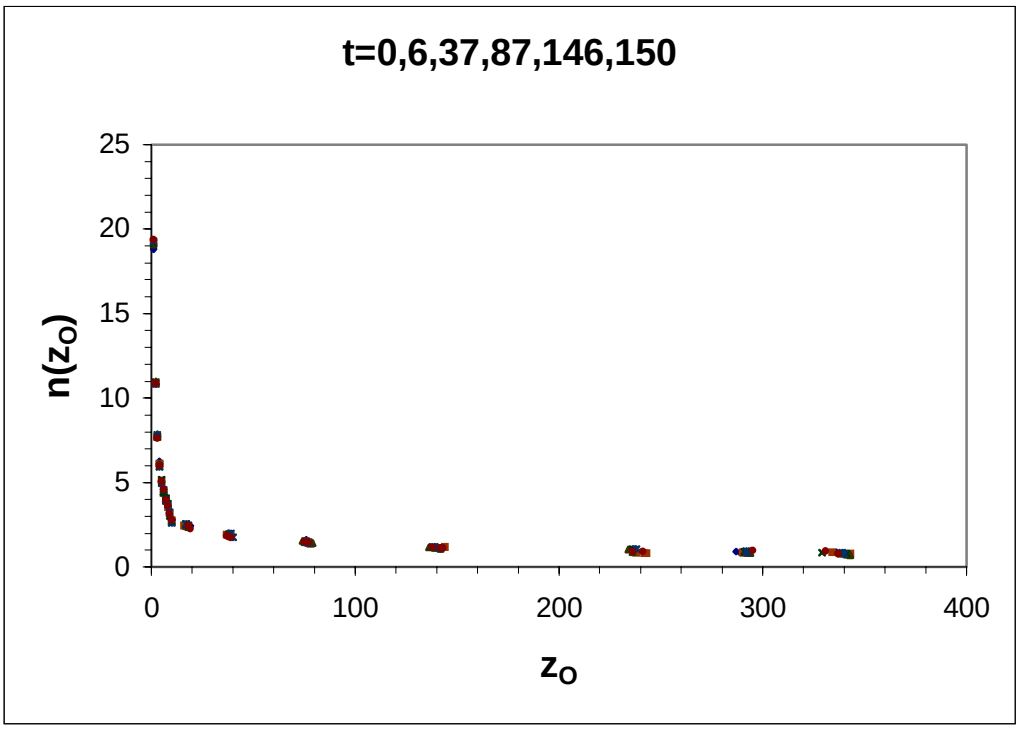
Şekil 3.5.2.1 $t = 0$'da çizilmiş olan $n(z_O)$'nun z_O'ya göre grafiği.



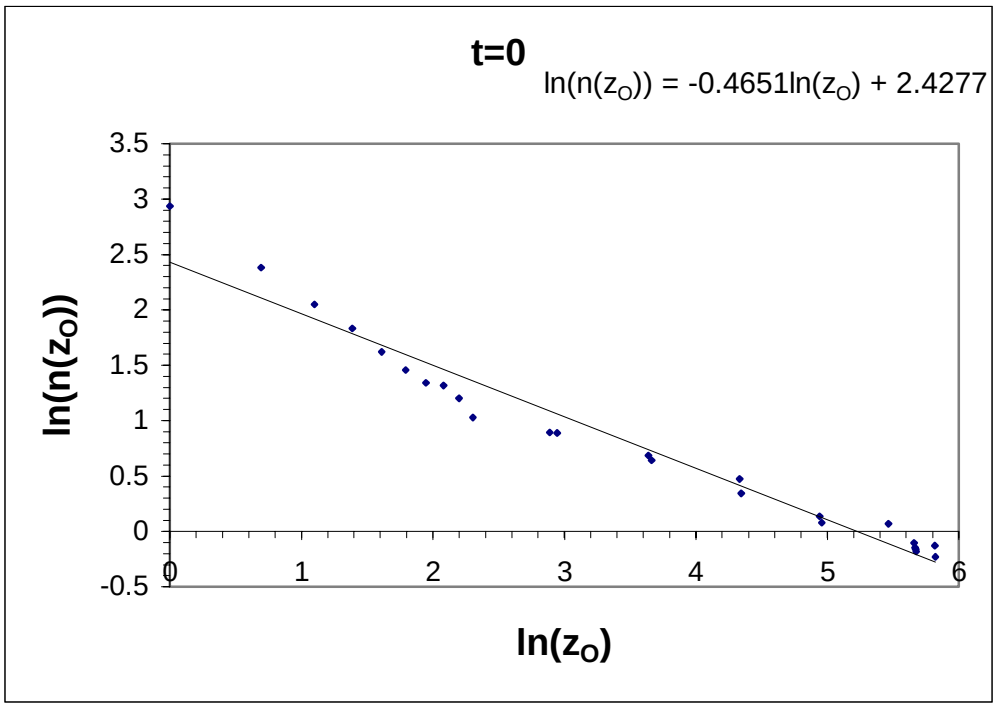
Şekil 3.5.2.2 $t = 150$'de çizilmiş olan $n(z_O)$'nun z_O'ya göre grafiği.

Bu grafiklere bakıldığında z_O dağılımının zaman içinde değişmediği görülüyor. Bu dağılım belli z_O değerlerinde maksimum veren ve bu değerler etrafında toplanmış bir gen nüfusunu gösteriyor.

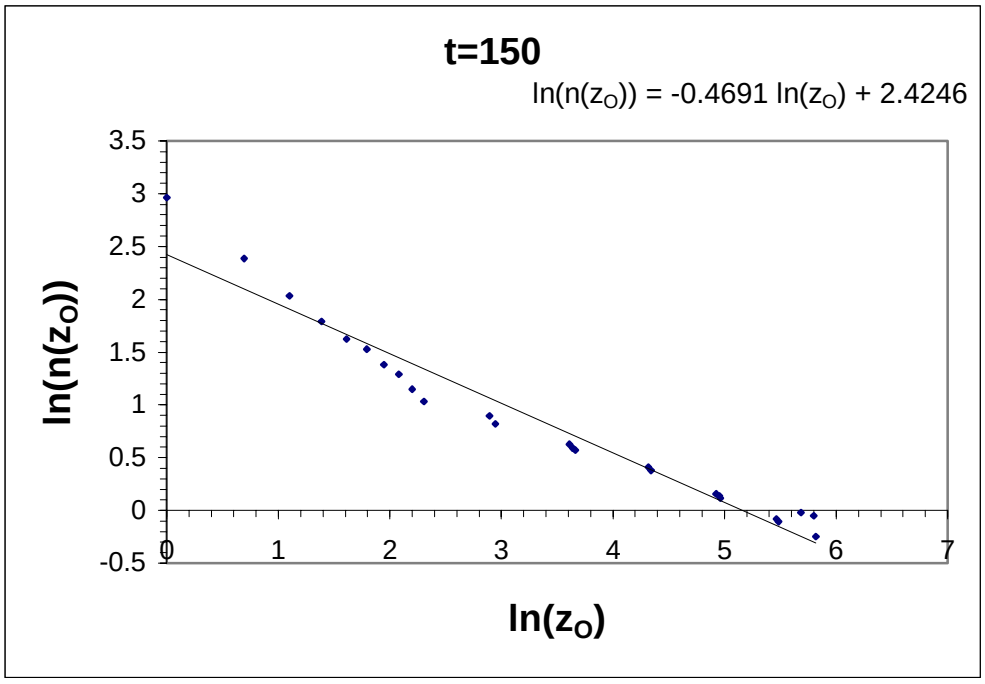
Bu dağılımı daha iyi anlayabilmek için grafikteki tepe noktaları alarak yeni grafikler çizdik. Elde edilen sonuçlar şunlar:



Şekil 3.5.2.3 $t = 0, 6, 37, 87, 146$ ve 150 zamanlarında elde edilen tepe noktalarının üst üste koyulmasıyla çizilmiş olan $n(z_O)$'nun z_O'ya göre grafiği.



Şekil 3.5.2.4 $t=0$ için z_O dağılımında tepe noktaları ve bu noktaların çok yakın civarlarında bulunan noktalar kullanılarak $\ln\left(n\left(z_O\right)\right)$'nun z_O'ya göre çizilmiş olan grafiği ve bu noktalara "fit" yapılan doğru denklemi.



Şekil 3.5.2.5 $t=150$ için z_O dağılımında tepe noktaları ve bu noktaların çok yakın civarlarında bulunan noktalar kullanılarak $\ln\left(n\left(z_O\right)\right)$'nun z_O'ya göre çizilmiş olan grafiği ve bu noktalara "fit" yapılan doğru denklemi

Yapılan bu analizden görülüyor ki, z_O dağılımı, $n_{tepe}(z_O) = B(z_O)^{-\tau_O}$ şeklinde bir kuvvet yasasına göre davranmaktadır. Sayısal sonuçlardan $\tau_O \approx 0.47$ olarak bulundu. z_O dağılımının kuvvet yasası şeklinde olması bize gen şebekesinin ölçekten bağımsız olduğunu söyleme imkanı vermektedir. Yapılan analitik hesaplamalarda z_O dağılımının hesaplanması için izlenmesi gereken yolu vermiş fakat bu dağılımı kesin olarak hesaplayamamıştık.

z_O dağılımının gösterildiği grafiklere bakılınca gözlenen tepelerin, farklı l uzunlukları olan genlerden çıkan bağ sayılarının gruplanması ile ortaya çıktığı aşağıdaki tabloya bakılınca anlaşılmaktadır. Her tepenin altında kalan alanın, farklı l aralığındaki genlerin sayılarına karşı geldiğini görmek mümkündür.

Tablo 3.5.2.1 z_O değerleri ve bu değerlere sahip olan genlerin uzunlukları (l) ile bu aralıklara düşen toplam gen sayıları.

z_O	$\sum_{z_O} n(z_O)$	l	$\sum_{l} n(l)$
$z_O \le 5$	193.496	$l \ge \langle l \rangle$	193.016
$6 \le z_O \le 27$	46.946	$l = 7,8$	45.878
$28 \le z_O \le 57$	27.542	$l = 6$	26.852
$58 \le z_O \le 106$	31.514	$l = 5$	29.946
$107 \le z_O \le 161$	29.29	$l = 4$	33.094
$162 \le z_O \le 271$	37.308	$l = 3$	36.792
$272 \le z_O \le 362$	40.148	$l = 2$	40.738
$z_O \ge 363$	45.532	$l = 1$	45.46

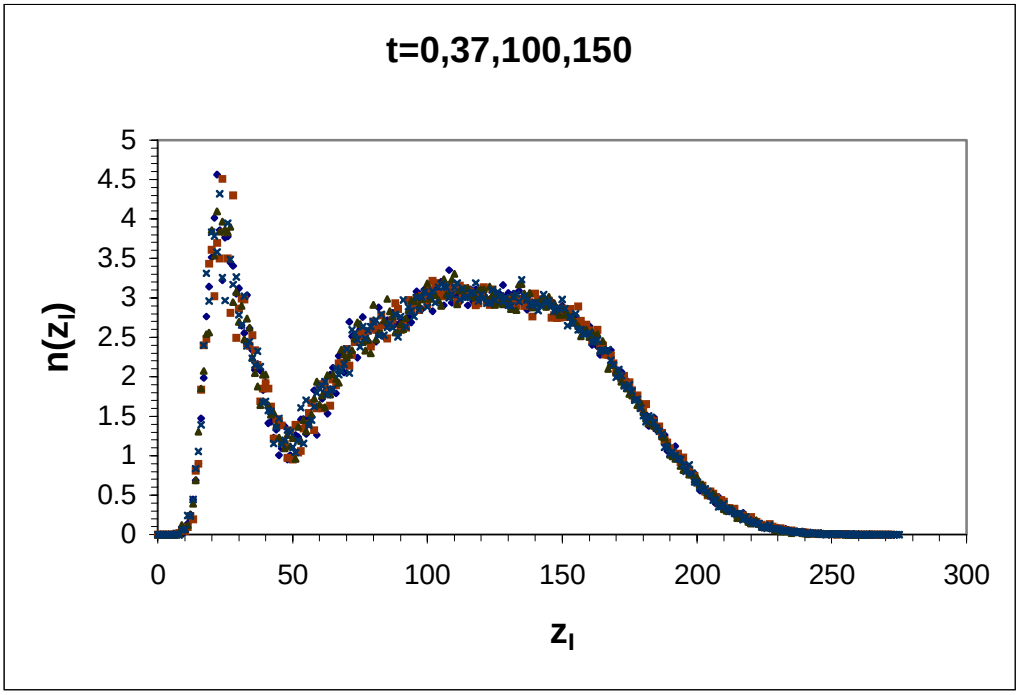
Buna göre z_O dağılımındaki tepe noktaları etrafında dağılan bölgelerin genleri uzunluklarına göre sınıflandırdığını söyleyebiliriz.

Bu dağılımın en sağında yer alan bölgeye ($z_O \ge 363$) dikkatlice bakılırsa bu aralıktaki dağılımın şeklinin küme büyüklüğü dağılımına çok benzediği fark edilir. Bunu şöyle açıklayabiriz: Bu dağılım uzunluğu 1 olan gen nüfusu tarafından

oluşturulmakta olup, her bir 1 uzunluklu gen kümedeki tüm elemanların neredeyse tümünde yer alacağından küme elemanlarını sayıyormuş gibi davranır.

3.5.3 z_I Dağılımı

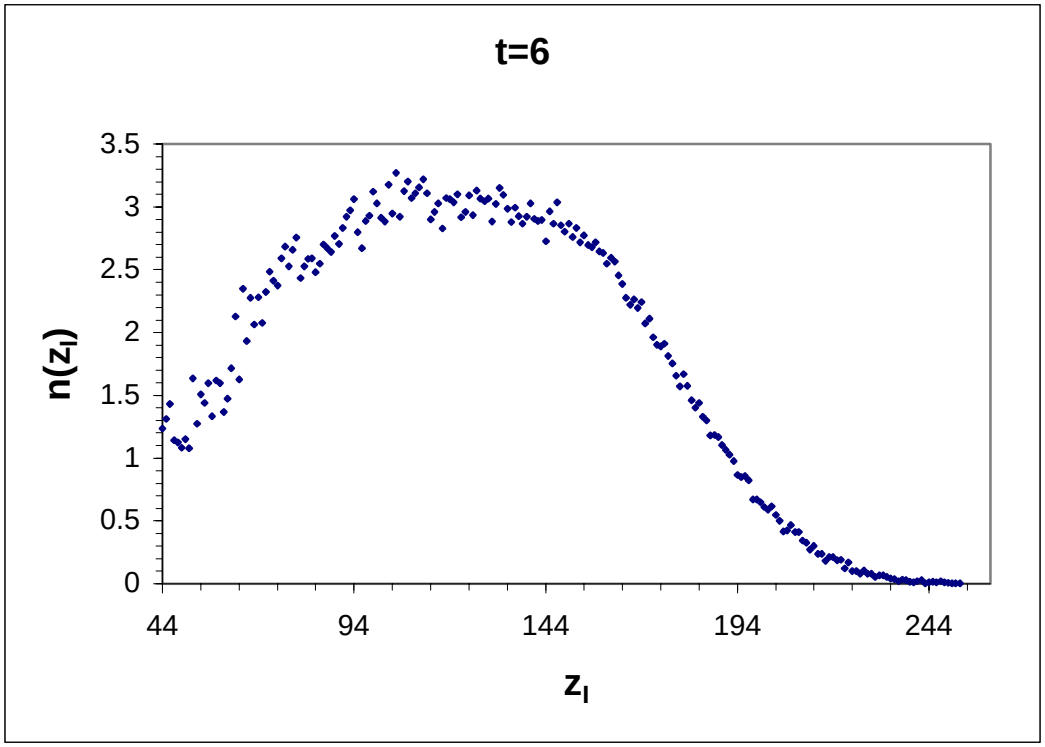
Burada z_I dağılımının farklı t'ler $(t = 0,37,100,150)$ için elde edilmiş olan değerlerin üst üste koyulmasıyla elde edilen grafik yer alıyor.



Şekil 3.5.3.1 $t = 0,37,100,150$'de elde edilen noktaların üst üste koyulmasıyla çizilmiş olan $n(z_I)$'nın z_I'ya göre grafiği.

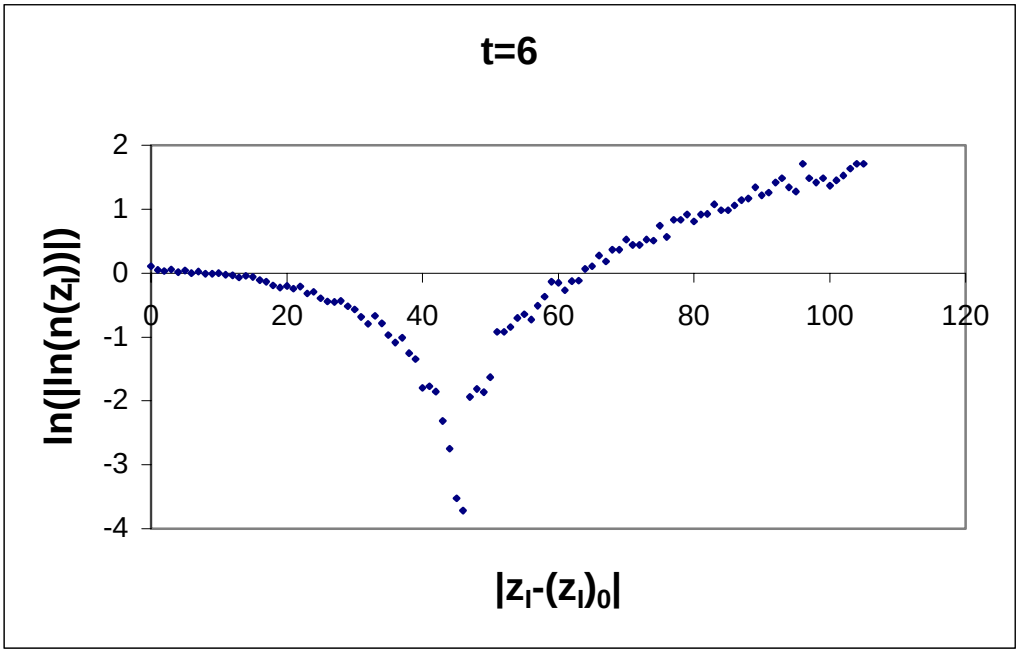
Yine bu grafiklerde de görülüyor ki z_I dağılımı niteliksel olarak zaman içinde değişmemektedir. Bu dağılımlarda biri sivri diğeri yayvan olan iki maksimum olduğu ve değerlerin bu iki nokta etrafında dağıldığı görülüyor.

Şimdi bu dağılımı daha iyi anlayabilmek yayvan olan ikinci maksimum etrafındaki değerlere bakalım ve bu değerlerin bir analizini yapalım.



Şekil 3.5.3.2 $t = 6$ 'da elde edilen dağılım için, bu dağılımın yayvan olan maksimumu etrafındaki noktalar alınarak çizilmiş olan $n(z_I)$ 'nın z_I 'ya göre grafiği.

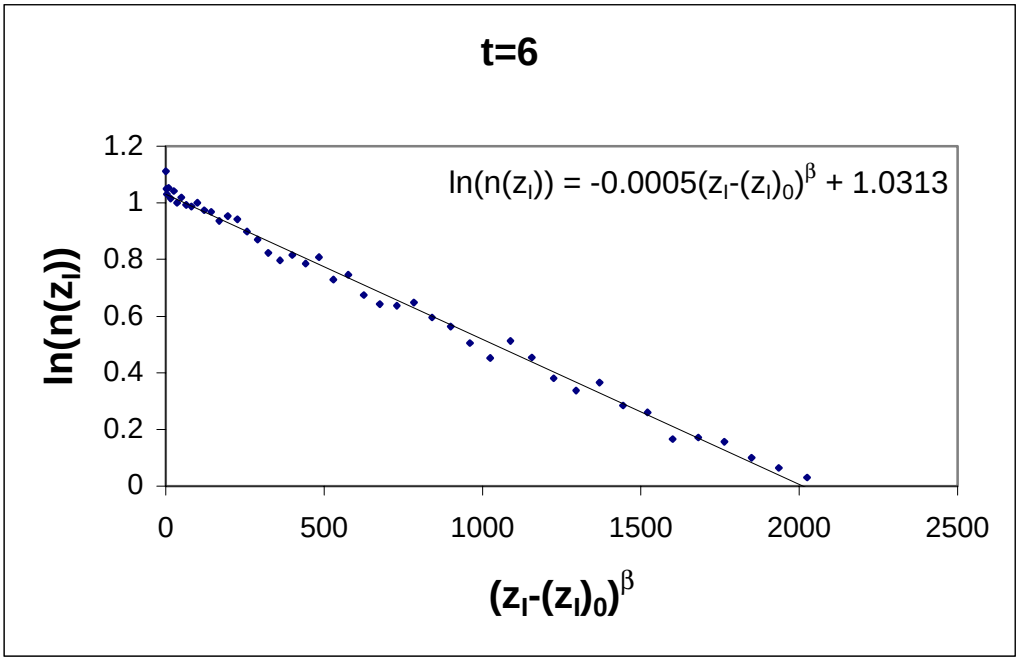
Bu dağılımı anlayabilmek için bu dağılım üzerinde bazı analizler yaptık. Bunun için önce $\ln\left(\ln\left(n(z_I)\right)\right)$ 'nın $\left|z_I - (z_I)_0\right|$ 'a göre grafiği çizildi.



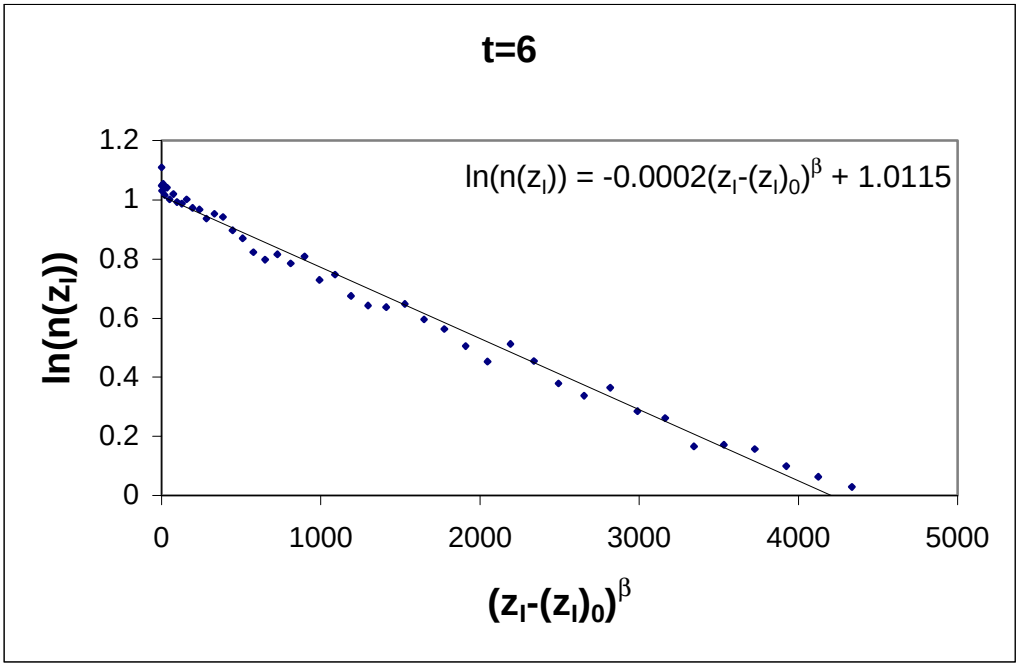
Şekil 3.5.3.3 $t=6$'da çizilmiş olan $\ln\left(\ln\left(n\left(z_I\right)\right)\right)$'nın $\left|z_I-\left(z_I\right)_0\right|$'a göre grafiği. $\left(z_I\right)_0$ bu dağılımın maksimum noktasıdır (burada $\left(z_I\right)_0=147$'dir).

Bu grafikten dağılımın iki farklı rejim gösterdiği açıkça görülmektedir.

Dağılımın maksimumu ($\left(z_I\right)_0$) civarındaki noktaların $n\left(z_I\right)=A\mathrm{e}^{-a\left(z_I-\left(z_I\right)_0\right)^\beta}$ şeklinde davranıyor olabileceği düşündük. Bu durumda farklı β değerleri ($\beta=2,2.1,2.2,2.3$) için grafikler çizilirse oldukça iyi sonuçlar elde edildiğini, yani $\left(z_I\right)_0$ etrafındaki dağılımın bir Gaussyen'e oldukça benzediğini gördük. Elde edilen grafiklerden $\beta=2,2.2$ için olanlar şunlardır:

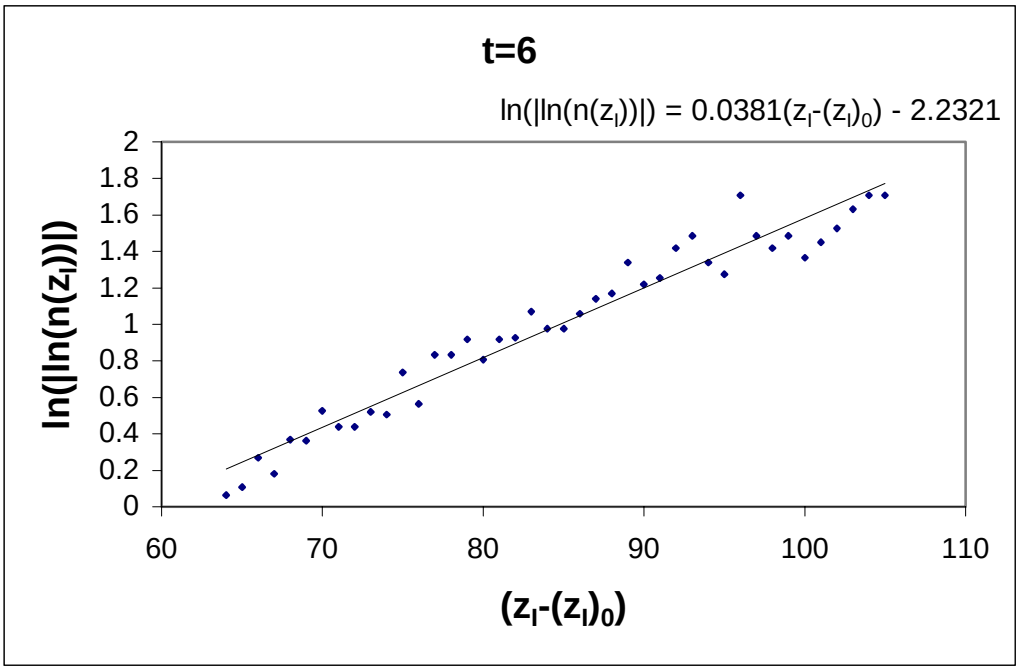


Şekil 3.5.3.4 $t=6$ için z_I dağılımının ikinci maksimum noktası etrafınfaki ($147 \le z_I \le 192$ aralığına düşen) değerler kullanılarak, $\beta = 2$ değeri için $\ln\left(n\left(z_I\right)\right)$'nın $\left(z_I - \left(z_I\right)_0\right)^{\beta}$'ya göre çizilmiş olan grafiği. Bu grafikteki noktalara lineer "fit" yapıldığında elde edilen doğru denklemi.



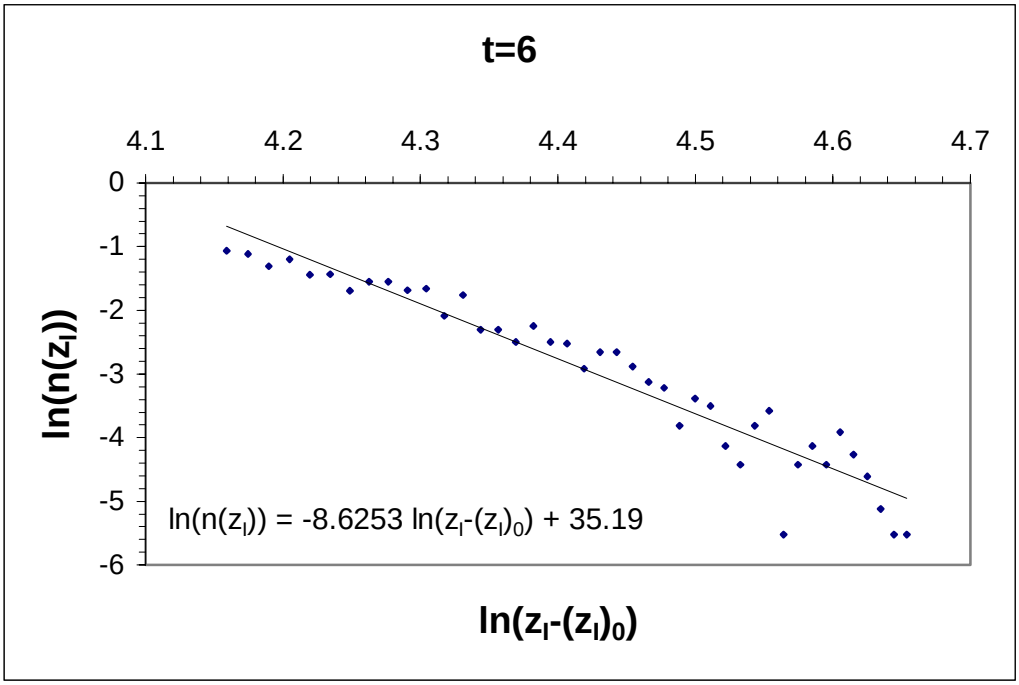
Şekil 3.5.3.5 $t=6$ için z_I dağılımının ikinci maksimum noktası etrafınfaki ($147 \le z_I \le 192$) değerler kullanılarak, $\beta = 2.2$ değeri için $\ln\left(n\left(z_I\right)\right)$'nın $\left(z_I - \left(z_I\right)_0\right)^{\beta}$'ya göre çizilmiş olan grafiği. Bu grafikteki noktalara lineer "fit" yapıldığında elde edilen doğru denklemi.

Dağılımın kuryuğu ise ($211 \le z_I \le 252$ aralığındaki bölge) farklı davranmaktadır. Bu sebeple de, bu aralıktaki noktalar kullanılarak bu β değeri tayin edilmeye çalışıldı.



Şekil 3.5.3.6 $t = 6$ için z_I dağılımının kuyruğunda yer alan noktalar kullanılarak çizilmiş olan $\ln\left(\ln\left(n\left(z_I\right)\right)\right)$'in $\left|z_I - \left(z_I\right)_0\right|$'a göre grafiği ve buna yapılan lineer "fit" sonucunda elde edilen doğru denklemi.

Bu grafikten görüldüğü gibi β, $\beta \approx 0.04$ olarak bulunur. Bu küçük değer aynı veriye farklı bir davranış yakıştırmamız gerektiğine işaret etmektedir. $n\left(z_I\right)$'nın eksponansiyel değil de bir cebirsel davranışının olup olmadığını araştırdık. Bunun için aşağıda gösterilmiş olan grafiği çizdik.



Şekil 3.5.3.7 $t = 6$ için z_I dağılımının kuyruğunda yer alan noktalar kullanılarak çizilmiş olan $\ln\left(n\left(z_I\right)\right)$'nın $\ln\left(z_I - \left(z_I\right)_0\right)$'ya göre grafiği ve buna yapılan lineer "fit" sonucunda elde edilen doğru denklemi.

Bu grafikten bu dağılımın kuyruğunun $n\left(z_I\right) = B\left(z_I - \left(z_I\right)_0\right)^{-\tau_I}$ şeklinde bir kuvvet yasasına göre davrandığını söyleyebiliriz. Burada $\tau_I \approx 8.63$ olarak bulduk. Görüldüğü gibi bu üstel çok büyüktür. Buradan bu dağılımın eksponansiyel ile kuvvet yasası arasında bir davranış gösterdiğini söyleyebiliriz. Buradan da çok büyük değerler için bile z_I dağılımı için ölçekten bağımsız bir davranışın söz konusu olmadığı anlaşılmaktadır.

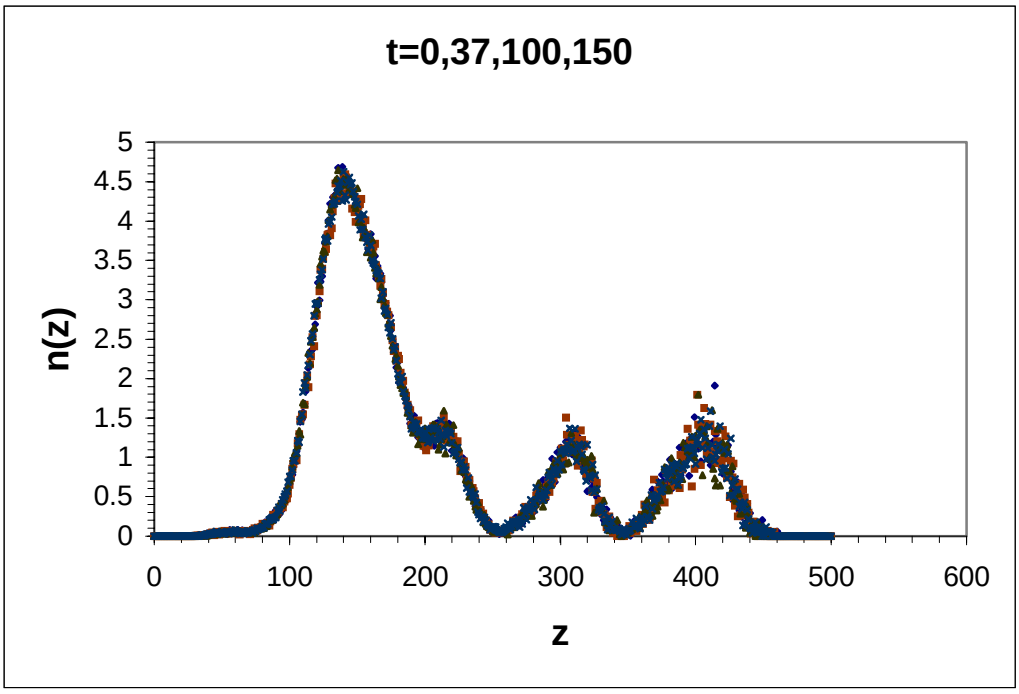
Bu dağılımda da hangi uzunluktaki genlerin dağılımın hangi aralığına düştüğünü yine gen uzunluğu dağılımından yararlanarak söyleyebiliriz. Bu durumda şöyle bir tablo ortaya çıkıyor:

Tablo 3.5.3.1 z_I değerleri ve bu değerlere sahip olan genlerin uzunlukları (l) ile bu aralıklara düşen toplam gen sayıları.

z_I	$\sum_{z_I} n(z_I)$	l	$\sum_{l} n(l)$
$z_I \leq 52$	89.448	$l \approx 1$ ve $l \approx 2$	86.98
$53 \leq z_I \leq 192$	346.738	$2 < l < 4\langle l \rangle$	354.628
$z_I \geq 193$	15.59	$l \lesssim 4\langle l \rangle$ ve $l \geq 4\langle l \rangle$	11.31

3.5.4 z Dağılımı

Burada toplam komşu sayısı (z) dağılımının farklı zamanlar için ($t = 0,37,100,150$) elde edilen noktalarının üst üste koyulmasıyla çizilmiş olan grafik yer alıyor.



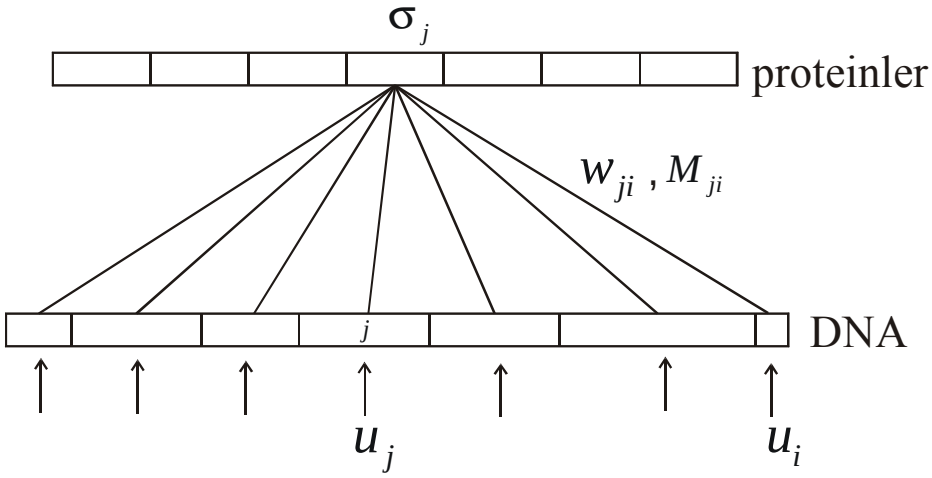
Şekil 3.5.4.1 $t = 0,37,100,150$'de elde edilen değerlerin üst üste koyulmasıyla çizilmiş olan $n(z)$'nin z'ye göre grafiği.

Bu dağılımın da karakteristiğinin zaman içinde değişmediği görülmektedir. Yine burada da z'nin çok maksimumlu bir dağılımı olduğu görülür. Burada dikkatinizi çekmek istediğimiz nokta $n(z)$'nin, γ herhangi bir sabit sayı olmak üzere, $n(z=\gamma)=n(z_O=\gamma)+n(z_I=\gamma)$ şeklinde basit bir toplam olarak yazılamayacak olduğudur.

4. RASTGELE ŞEBEKELERDE DİNAMİK RG

4.1 Gen İfadesi Şebekesinin Spin Modeli Tasviri

Gen ifadesi genlerin çevre uyarıları altında birbirleriyle etkileşiyor oldukları gerçeğine dayanmaktadır. Bu etkileşimin baskılama ve özendirme olmak üzere iki şekilde gerçekleştiği bilinmektedir. Bu durumun karikatürize edilmiş şeması aşağıdaki resimde gösterilmektedir.



Şekil 4.1.1 DNA üzerindeki genlerin birbirleriyle olan etkileşimlerinin basitleştirilmiş bir resmi: Genler arasındaki etkileşimler DNA üzerinde bulunan genlerden proteinlere doğru çizilmiş olan bağlarla temsil edilmektedir.

Şekil 4.1.1'de çevre uyarıları u_i 'lerle proteinler ise σ_j 'lerle gösterilmektedir. $\sigma_j = 1$ olması j geni tarafından kodlanan proteinin sentezlendiği, $\sigma_j = 0$ olması ise sentezlenmediği anlamına gelmektedir. Çevre uyarıları 0 ya da 1 değerlerini almakta olup $u_i = 1$ olması i'inci genin uyarıldığını, $u_i = 0$ olması ise uyarılmadığını göstermektedir. Çevre uyarıları genler arasındaki özendirme etkileşiminin temsil edildiği M matrisi aracılığıyla aktarılmakta olup genler arasındaki baskılama etkileşimi w matrisi ile temsil edilmektedir.

Bu şekil aracılığıyla herhangi bir proteinin sentezlenmesini şöyle ifade edebiliriz:

$$\sigma_i(t+1)=\left\{\prod_{k\neq i}\left[(1-w_{ik})\sigma_k(t)+(1-\sigma_k(t))\right]\right\}\Theta\left(\sum_j M_{ij}u_j(t)\right)$$
$$\Theta(x)=\begin{cases}1, & x>0\\ 0, & x=0\end{cases} \qquad (4.1.1)$$

Bu formülasyondan görüldüğü gibi, bu sistem bir hücresel otomattır: t anındaki $\{u_i\}$ ve $\{\sigma_i\}$ değerleri $t+1$ anındaki $\{\sigma_i\}$ değerlerini belirlemektedir. Bu ifadede yer alan çarpım terimi, diğer genler tarafından kodlanan proteinlerden en az birinin sentezlenmiş olup ($\sigma_j=1$), i'inci proteini kodlayan geni baskılaması ($w_{ij}=1$) durumunda sıfır verecektir. Toplam içinde yer alan terim ise j geninin uyarılıp ($u_j=1$) protein sentezlemek yoluyla i geninin protein sentelemesini özendirmesine ($M_{ij}>0$) karşılık gelmektedir. Bunun çok basit bir modelleme olduğuna dikkatinizi çekmek isteriz.

Şimdi bu sistem için, her durumda hesabedilebilecek bir "maliyet fonksiyonu" önerecek olursak, bu determinist hücresel otomatta, farklı durumlar arasında geçiş olasılıklarından söz edebileceğimiz bir model elde edebiliriz. Bu maliyet fonksiyonu, spin sisteminin Hamiltonyen'i olacaktır. Bu Hamiltonyen, örneğin $w_{ij}=1$ olduğu durumda, j geni tarafından kodlanan protein sentezlenmiş ($\sigma_j=1$) ise i'inci geni baskılayarak onun protein kodlamasını engellemeli, yani $\sigma_i=0$ durumunda minimize olmalıdır. Eğer σ_i değişkenlerinden $\mathrm{s_i}$ değişkenlerine $\mathrm{s_i}=2\sigma_i-1$ olacak şekilde bir geçiş yapar ve $\mathrm{J_{ij}}\equiv -w_{ij}$, $\mathrm{h_i}\equiv\sum_j M_{ij}u_j(t)$ olarak tanımlarsak, $\mathrm{s_i}$'ler spin değişkenlerine $\mathrm{h_i}$'ler ise spin sistemlerindeki dış magneyik alana karşılık gelecektir. $\mathrm{J_{ij}}$ tanımlaması ise genlerin birbirlerini baskılamasından kaynaklanan etkileşimlerini spin sistemlerindeki antiferomagnetik etkileşimlere benzer yapmaktadır. Bu bir Glauber dinamiğine tabi Ising modeli olacaktır. Bu tür bir formülasyon gen şebekesinin bir spin sistemi olarak düşünülebileceğini göstermektedir. Bu sistem için bir işlemci çarpımı açılımı[21,22] yapıldığında en düşük mertebeden yazılabilecek Hamiltonyen'in

$$H = -\sum_{i,j} J_{ij} s_i s_j - \sum_i h_i s_i \qquad (4.1.2)$$

olduğu görülecektir. Baskılamadan kaynaklanan etkileşimlerin simetrik olmayışı $J_{ij} \neq J_{ji}$ olmasına neden olduğundan bu durum H'nın özdeğerlerinden bazılarının reel olmamasına yol açabilir.

Bu kinetik Ising sisteminin dinamik kritik davranışını inceleyerek, zaman içinde tepki verme özellikleri ve durulma zamanları hiyerarşisi konusunda bilgi edinebileceğimizi düşündük. Bu amaçla, spin sistemini, sadece en yakın komşu etkileşimlerinin var olduğu, ve en yakın komşu sayısı dağılımının bir kuvvet yasasına tabi olduğu latis üzerinde konumlanmış olarak düşündük. Bu özelliğe sahip bir latis, Migdal-Kadanoff bağcık öteleme metodu ile konum uzayında yaklaşık RG hesaplarının kesin bir hesaba karşılık geldiği[31] bir latistir. Dinamik renormlizasyon grubu hesaplarını en yakın komşu sayısının Γ olduğu hiperkübik örgülere genelleştirerek kritik dinamik üstel hesaplarını yaptık. Bu hesaptan elde ettiğimiz sonuçları, en yakın komşu sayısı dağılımının bir kuvvet yasası şeklinde olduğu örgüler için yaptığımız, durulma zamanları hiyerarşisi hesabında kullandık.

4.2 Konum Uzayında Dinamik RG'nin Γ-Komşuluklu Kinetik Ising Modeline Genelleştirilmesi

Bir stokastik sistemin betimlenmesinde ve makroskopik büyüklüklerinin hesaplanmasında sistemdeki dinamik değişkenlerin bir fonksiyonu olan ve sistemin bir mikroskopik durumunun gerçekleşme olasılığını veren olasılık dağılım fonkiyonu kullanılır. N parçacıklı bir sistemdeki dinamik değişkenleri $i = 1, 2, ..., N$ olmak üzere σ_i'lerle gösterirsek, olasılık dağılım fonksiyonu $P(\{\sigma_i\}) = P(\sigma_1, \sigma_2, \sigma_3, ..., \sigma_N)$ şeklinde bu değişkenlerin bir fonksiyonu olarak yazılır. Bu fonksiyon normalize olduğundan sistemdeki değişkenlerin tümü üzerinden bir toplam yapılırsa,

$$\sum_{\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_N} P(\{\sigma_i\}) = 1 \qquad (4.1.3)$$

verir. Olasılık dağılım fonksiyonu, sadece dinamik değişkenlerin fonksiyonu değil de zamana da açık bir bağlığı olan bir fonksiyonsa $P(\{\sigma_i\}, t)$ olarak yazılır. Bu,

sistemin makroskopik büyüklüklerinin durumlarının zaman içinde değiştiğini gösterir ve herhangi bir t anında sistemin makroskopik büyüklüklerini tayin etmek için o andaki olasılık dağlım fonksiyonunun kullanılmasını gerektirir. Olasılık dağılım fonkisiyonunun zaman içindeki değişimi temel ("master") denklemi aracılığıyla belirlenir[23].

$$\frac{\partial}{\partial t} P\left(\{\sigma_i\}, t\right) = \mathcal{L}\, P\left(\{\sigma_i\}, t\right) \tag{4.1.4}$$

Burada $\mathcal{L}$ olasılık dağılım fonksiyonunun zaman içindeki değişimini sağlayan operatördür.

Şimdi olasılık dağılım fonksiyonundaki zamana açık bağlılığı unutup $\mathcal{L}$ opetatörünün nasıl bir işlem gerçekleştirdiğine bakalım. Sistemin herhangi bir mikroskopik durumunu $\boldsymbol{\sigma}_i$ ile gösterirsek, $\boldsymbol{\sigma}_i \equiv (\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_N)$ olarak tanımlanır.

$$\frac{d}{dt} P(\boldsymbol{\sigma}_i) = -\sum_j W_{i\to j} P(\boldsymbol{\sigma}_i) + \sum_j W_{j\to i} P(\boldsymbol{\sigma}_j) \tag{4.1.5}$$

Bu denklemdeki toplamlar i'inci durum dışındaki mikroskopik durumlar üzerinden olup $W_{i\to j}$ i'inci mikroskopik durumdan j'inci duruma birim zamandaki geçiş olasılığını vermektedir.

4.2.1 Kinetik Ising Modeli İçin Patron Denklemi

En yakın komşu etkileşimlerinin olduğu bir spin sistemi için Hamiltonyen,

$$\mathcal{H} = -\sum_{\langle i,j\rangle} J_{ij}\, \sigma_i \sigma_j \tag{4.2.1.1}$$

olarak tanımlanmış olup $\sigma_i = +1, -1$ değerlerini almaktadır. J_{ij}, i ve j indislerine sahip spinler arasındaki etkileşim sabitidir ve burada $J_{ij} = J$ olduğu düşünülecektir. $\langle i, j\rangle$ en yakın komşular üzerinden toplam yapıldığını göstermekte olup sistemdeki spin sayısı N'dir.

Bu sistem için verilmiş olan olasılık dağılım fonksiyonunun ($P\left(\{\sigma_i\}\right)$) değişimini (4.2.3)'de verilmiş olan patron denklemi ile incelersek, bu denklem sistemin

mikroskopik durumlarındaki değişim sadece bir dinamik değişkenin (yani spinin) durumunu $\sigma_i \to -\sigma_i$ şeklinde değiştirmesi yoluyla gerçekleştiği kabulü altında,

$$\frac{d}{dt}P(\sigma_1,\sigma_2,....,\sigma_N)=\Big\{ -\sum_i W_i(\sigma_i)P(\sigma_1,...,\sigma_i,...,\sigma_N) + \sum_i W_i(-\sigma_i)P(\sigma_1,...,-\sigma_i,...,\sigma_N) \Big\} \tag{4.2.1.2}$$

haline gelir. Buradaki geçiş olasılığı kaynak [24,25]'de verilmiş olan,

$$W_i(\sigma_i)=\frac{1}{2}\alpha\left(1-\sigma_i \tanh\left(\beta J\sum_{\delta_i}\sigma_{\delta_i}\right)\right) \tag{4.2.1.3}$$

dir. Bu fonksiyondaki δ_i, toplamın i indisli spinin en yakın komşuları üzerinden olduğunu göstermektedir. Bundan sonraki işlemlerde $\alpha=1$ olarak alınacaktır. Şimdi (4.2.1.2) denkleminin her iki tarafını da σ_j ile çarpar ve bütün spin durumları üzerinden bir toplama yaparsak,

$$\frac{d}{dt}\left(\sum_{\sigma_1,...,\sigma_j,...,\sigma_N}\sigma_j P(\sigma_1,\sigma_2,....,\sigma_N)\right)=\Big[-\sum_{\sigma_1,...,\sigma_j,...,\sigma_N}\sigma_j\sum_i W_i(\sigma_i)P(\sigma_1,...,\sigma_i,...,\sigma_N)+ \sum_{\sigma_1,...,\sigma_j,...,\sigma_N}\sigma_j\sum_i W_i(-\sigma_i)P(\sigma_1,...,-\sigma_i,...,\sigma_N)\Big] \tag{4.2.1.4}$$

Bu ifadede eşitliğin sol tarafındaki toplam σ_j'nin beklenen değerini $(m_j(t))$ vermektedir. Eşitliğin sağ tarafındaki toplamları ise iki kısıma ayırarak şöyle yazabiliriz:

$$\frac{d}{dt}m_j(t)=\mathcal{A}+\mathcal{B} \tag{4.2.1.5}$$

$$\mathcal{A}\equiv-\frac{1}{2}\sum_{\{\sigma\}}\sigma_j\sum_i P(\sigma_1,...,\sigma_i,...,\sigma_N)+\frac{1}{2}\sum_{\{\sigma\}}\sigma_j\sum_i P(\sigma_1,...,-\sigma_i,...,\sigma_N) \tag{4.2.1.6}$$

Bu ifadelerdeki $\{\sigma\}$, toplamın tüm spin değişkenleri üzerinden yapıldığını göstermektedir. $\mathcal{A}$'yı da yine iki kısıma ayırırsak,

$$\mathcal{A} = -\frac{1}{2}\sum_{\{\sigma\}} \mathcal{A}_1 + \frac{1}{2}\sum_{\{\sigma\}} \mathcal{A}_2 \qquad (4.2.1.7)$$

$\mathcal{A}_1$'de toplamın içinde yer alan ifade, üzerinden toplam alınan değişkenden (yani i'den) bağımsız olduğundan bu ifade,

$$\mathcal{A}_1 = \sigma_j \, N \, P(\sigma_1, ..., \sigma_N) \qquad (4.2.1.8)$$

halini alır. $\mathcal{A}_2$'yi de i'ler üzerinden olan toplamı $i = j$ ve $i \neq j$ olacak şekilde ikiye ayırarak yapabiliriz.

$$\mathcal{A}_2 = \sigma_j P(\sigma_1, ..., -\sigma_j, ..., \sigma_N) + \sigma_j (N-1) P(\sigma_1, ..., -\sigma_{i\neq j}, ..., \sigma_N) \qquad (4.2.1.9)$$

Bu durumda $\mathcal{A}$'yı şu şekilde buluruz:

$$\mathcal{A} = -\frac{1}{2} N m_j(t) + \frac{1}{2}\left[(N-1) m_j(t) - m_j(t)\right] = -m_j(t) \qquad (4.2.1.10)$$

Şimdi de $\mathcal{B}$ terimini hesaplayalım. Yine $\mathcal{B}$'yi de iki kısıma ayırarak şöyle yazalım:

$$\mathcal{B} = \frac{1}{2}\sum_{\{\sigma\}} \mathcal{B}_1 + \frac{1}{2}\sum_{\{\sigma\}} \mathcal{B}_2 \qquad (4.2.1.11)$$

$$\mathcal{B}_1 = \sigma_j \sum_i \sigma_i \tanh\left(K \sum_{\delta_i} \sigma_{\delta_i} \right) P(\{\sigma\}) \qquad (4.2.1.12)$$

Burada $K \equiv \beta J$ olarak tanımlanmış olup bundan sonraki işlemlerde bu kullanılacaktır. Bu terimde de yine i'ler üzerinden olan toplamı $i = j$ ve $i \neq j$ olacak şekilde ikiye ayırarak yazalım.

$$\mathcal{B}_1 = (\sigma_j)^2 \tanh\left(K \sum_{\delta_j} \sigma_{\delta_j} \right) P(\{\sigma\}) + \sigma_j \sum_{i\neq j} \sigma_i \tanh\left(K \sum_{\delta_i} \sigma_{\delta_i} \right) P(\{\sigma\}) \qquad (4.2.1.13)$$

Şimdi de aynı şekilde $\mathcal{B}_2$'ye bakalım.

$$\mathcal{B}_2 = \Big[\quad (\sigma_j)^2 \tanh\left(K \sum_{\delta_j} \sigma_{\delta_j} \right) P(\sigma_1,..,-\sigma_j,..,\sigma_N) + \sigma_j \sum_{i \neq j} \sigma_i \tanh\left(K \sum_{\delta_i} \sigma_{\delta_i} \right) P(\sigma_1,..,-\sigma_i,..,\sigma_N) \quad \Big] \tag{4.2.1.14}$$

$\mathcal{B}$'yi hesaplamak üzere tüm σ_i'ler üzerinden toplam alırsak,

$$\sum_{\{\sigma\}} \mathcal{B}_1 = \left\langle \tanh\left(K \sum_{\delta_j} \sigma_{\delta_j} \right) \right\rangle + \sum_{i \neq j} \left\langle \sigma_j \sigma_i \tanh\left(K \sum_{\delta_i} \sigma_{\delta_i} \right) \right\rangle \tag{4.2.1.15}$$

haline gelir. Buradaki $\langle\ \rangle$ işareti içinde bulunan büyüklüğün ortalamasını göstermektedir. Benzer işlemler yapılırsa,

$$\sum_{\{\sigma\}} \mathcal{B}_2 = \left\langle \tanh\left(K \sum_{\delta_j} \sigma_{\delta_j} \right) \right\rangle - \sum_{i \neq j} \left\langle \sigma_j \sigma_i \tanh\left(K \sum_{\delta_i} \sigma_{\delta_i} \right) \right\rangle \tag{4.2.1.16}$$

halini alır. $(\sigma_j)^2 = 1$ olduğuna dikkatinizi çekeriz. Bu durumda $\mathcal{B}$ şu hali alır:

$$\mathcal{B} = \left\langle \tanh\left(K \sum_{\delta_j} \sigma_{\delta_j} \right) \right\rangle \tag{4.2.1.17}$$

Böylece (4.2.1.4) denkleminden şu eşitliği bulmuş oluruz:

$$\frac{d}{dt} m_j(t) = -m_j(t) + \left\langle \tanh\left(K \sum_{\delta_j} \sigma_{\delta_j} \right) \right\rangle \tag{4.2.1.18}$$

Bu eşitlik herhangi bir uzaysal boyut kısıtlaması olmaksızın elde edilmiştir. Yani bu eşitlik en yakın komşu etkileşimlerinin olduğu kinetik Ising modelinde her boyut için geçerlidir.

4.2.2 Bir Fonksiyonun Spin Çarpımları Cinsinden Açılımının Elde Edilmesi

Şimdi $\tanh\left(K \sum_{\delta_i} \sigma_{\delta_i} \right)$ fonksiyonunun farklı spin çarpımları cisinden açılımı elde edilecek. Bu bölümün sonuçları (4.2.1.18) denkleminde kullanılacaktır. Bunlar Suzuki[19,20] tarafından kullanılıyorsa da çıkarılımları verilmemiştir.

Bunu en yakın komşu sayısının Γ olduğu durum için yapalım. Bu fonksiyonun argümanı olan değişkenler herhangi bir spinin en yakın komşusu olan spin değişkenleridir. En yakın komşulardan k'ıncıyı σ_k olacak şekilde indislersek fonksiyon şu hale gelir:

$$f = \tanh\left(K \sum_{\delta_i} \sigma_{\delta_i} \right) = f\left(\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_\Gamma\right) \tag{4.2.2.1}$$

Yani f, Γ tane spin değişkenine bağlı olan bir fonksiyondur. Bu fonksiyon Γ tane spin değişkeninin birbirine dik olan özel fonksiyonlarının toplamı şeklinde yazılabilir. Bunun için yeni bazı tanımlar yapalım.

$$\Psi_n \equiv \sum_{i_1<i_2<i_3<....<i_n} \sigma_{i_1}\sigma_{i_2}\sigma_{i_3}....\sigma_{i_n} = \sum_{i_1<i_2<i_3<....<i_n} \prod_{j=1}^{n} \sigma_{i_j} \tag{4.2.2.2}$$

Bu tanımdan görüldüğü gibi Ψ_n ifadesi Γ tane spinden n tanesinin farklı kombinasyonlarla çarpılarak toplanmasından oluşmaktadır. Toplamdaki her terimin birbirinden farklı olduğunuza dikkatinizi çekmek isteriz. Yani bu toplamda $\binom{\Gamma}{n} = \frac{\Gamma!}{n!(\Gamma - n)!}$ tane terim vardır. $\{\sigma\} = \sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_N$ olmak üzere Ψ_n'yi bütün spin değişkenleri üzerinden toplarsak,

$$\sum_{\{\sigma\}} \Psi_n = 0 \tag{4.2.2.3}$$

olmaktadır. Ψ_n'yi $m \neq n$ olmak üzere Ψ_m ile çarparsak bu, Ψ_k'ların $(k = 1, 2, ..., \Gamma)$ bir toplamını vermektedir. Yani, α_k bir sabit olmak üzere,

$$\Psi_n \Psi_m = \sum_{k=1}^{p} \alpha_k \Psi_k \tag{4.2.2.4}$$

şeklindedir. Bu durumda $\Psi_n \Psi_m$'yi bütün spin değişkenleri üzerinden toplarsak (4.2.2.3) denkleminden görüleceği gibi,

$$\sum_{\{\sigma\}} \Psi_n \Psi_m = 0 \tag{4.2.2.5}$$

olur. Bu da Ψ_n ve Ψ_m'nin birbirlerine dik olduklarını göstermektedir. Eğer $(\Psi_n)^2$'yi hesaplarsak,

$$(\Psi_n)^2 = \left(\sum_{i_1<i_2<i_3<....<i_n} \sigma_{i_1}\sigma_{i_2}\sigma_{i_3}....\sigma_{i_n} \right)\left(\sum_{i_1<i_2<i_3<....<i_n} \sigma_{i_1}\sigma_{i_2}\sigma_{i_3}....\sigma_{i_n} \right)$$

$$(\Psi_n)^2 = \binom{\Gamma}{n} + f(\Psi_1, \Psi_2, ..., \Psi_\Gamma) \qquad (4.2.2.6)$$

$$f(\Psi_1, \Psi_2, ..., \Psi_\Gamma) = \sum_{n=1}^{\Gamma} b_n \Psi_n$$

olarak elde edilir. Buraya kadar Ψ_n'leri tanımladık ve bunların birbirine dik fonksiyonlar olduğunu gösterdik. Şimdi $f(\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_\Gamma)$ fonksiyonunu Ψ_n'ler cinsinden oluşturalım.

$$f(\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_\Gamma) = \tanh\left(K \sum_{i=1}^{\Gamma} \sigma_i \right) = \tanh(K\Psi_1) \qquad (4.2.2.7)$$

$$f(\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_\Gamma) = a_1(K)\Psi_1 + a_2(K)\Psi_2 + ... + a_\Gamma(K)\Psi_\Gamma \qquad (4.2.2.8)$$

Bu ifadedeki $a_n(K)$ kat sayılarını yukarıdaki eşitliğin her iki tarafını da Ψ_n ile çarpıp bütün spin değişkenleri üzerinden toplamak yoluyla bulabiliriz. Bunu yapacak olursak,

$$\sum_{\{\sigma\}} f(\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_\Gamma)\Psi_n = \sum_{\{\sigma\}} \left(a_1(K)\Psi_1 + a_2(K)\Psi_2 + ... + a_\Gamma(K)\Psi_\Gamma \right)\Psi_n \qquad (4.2.2.9)$$

Yukarıdaki eşitliğin sağındaki ifadede $(\Psi_n)^2$ terimi dışındaki tüm terimler bu toplama yapıldığında sıfır verecektir. Böylece $a_n(K)$ şu şekilde bulunur:

$$a_n(K) = \frac{\sum_{\{\sigma\}} f(\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_\Gamma)\Psi_n}{\sum_{\{\sigma\}} (\Psi_n)^2} \qquad (4.2.2.10)$$

Bu genel ifadeyi elde ettikten sonra $a_1(K)$'yı hesaplayarak $a_n(K)$'nın da benzeri biçimde nasıl hesaplanabileceğini göstermiş olalım.

$$a_1(K) = \frac{\sum_{\{\sigma\}} \tanh(K\Psi_1)\Psi_1}{\sum_{\{\sigma\}} (\Psi_1)^2} \qquad (4.2.2.11)$$

Bu ifadedeki paydada yer alan terim kolaylıkla hesaplanır. Bu terimi hesaplarsak,

$$\sum_{\{\sigma\}} (\Psi_1)^2 = \sum_{\{\sigma\}} \Gamma + \sum_{\{\sigma\}} f(\Psi_1, \Psi_2, ..., \Psi_\Gamma) \qquad (4.2.2.12)$$

buradaki ikinci toplam sıfır verir. Bu durumda,

$$\sum_{\{\sigma\}} (\Psi_1)^2 = \Gamma 2^N \qquad (4.2.2.13)$$

olarak elde edilir. N spinli bir sistemde toplam mikroskopik durumların sayısının 2^N olduğuna dikkatinizi çekeriz. (4.2.2.11) ifadesinde payda yer alan terim ise,

$$\sum_{\{\sigma\}} \tanh(K\Psi_1)\Psi_1 = 2^{N-\Gamma} \sum_{\sigma_1,\sigma_2,...,\sigma_\Gamma} \tanh(K\Psi_1)\Psi_1 \qquad (4.2.2.14)$$

halini alır. Bu ifadede geri kalan toplamı hesaplamak için ise sistemin bulunabileceği mikroskopik durumları ve bu durumlarda Ψ_1'in alacağı değerleri belirlemek gerekmektedir. Bunun nasıl yapılacağı Ek B'de ayrıntılı olarak anlatılmıştır. Bu yapıldığında $a_1(K)$,

$$a_1(K) = \frac{1}{\Gamma 2^{\Gamma-1}} \sum_{n=0}^{\Gamma/2} \binom{\Gamma}{n} (\Gamma - 2n) \tanh(K(\Gamma - 2n)) \qquad (4.2.2.15)$$

olarak elde edilir. Buraya kadar yapılan işlemlerin sonunda $f(\sigma_1, \sigma_2, ..., \sigma_\Gamma)$ fonksiyonunun Ψ_n şeklindeki fonksiyonlar cinsinden lineer bir açılıma sahip olduğu ve bu toplamlardaki $a_n(K)$ katsayılarının nasıl hesaplanabileceğini gösterdik.

Şimdi (4.2.1.18) denklemine geri dönersek,

$$\frac{d}{dt} m_j(t) = -m_j(t) + \sum_{i=1}^{\Gamma} a_i(K) \langle \Psi_i \rangle \qquad (4.2.2.16)$$

olarak elde edilir. Bu ifadeyi,

$$\langle \Psi_1 \rangle = \left\langle \sum_{i=1}^{\Gamma} \sigma_i \right\rangle = \sum_{i=1}^{\Gamma} \langle \sigma_i \rangle = \sum_{i=1}^{\Gamma} m_i(t) \qquad (4.2.2.17)$$

olmak üzere (burada σ_i 'lerin bir spinin en yakın komşuları olduğunu unutmayalım),

$$\frac{d}{dt} m_j(t) = -m_j(t) + a_1(K) \sum_{\delta_j} m_{\delta_j}(t) + g(K) \qquad (4.2.2.18)$$

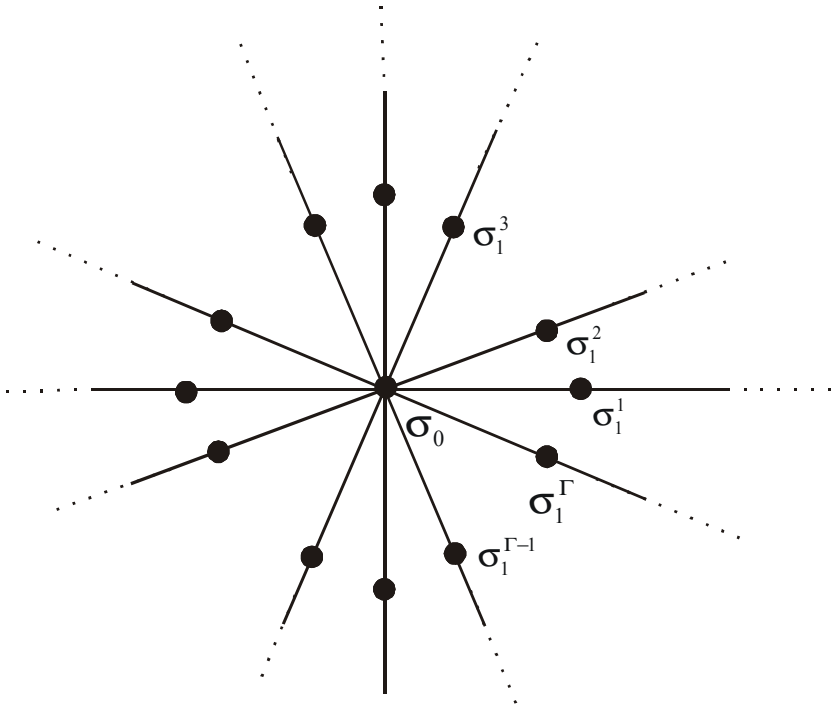
şeklinde yazabiliriz. Buradaki $g(K)$ spinler arasındaki yüksek mertebeden korelasyonları içeren terim olup bundan sonra yapılacak olan işlemlerde ayrı olarak yazdığımız ilk mertebe terimin önemli olduğu görülecektir. δ_j yine, j indisli spinin en yakın komşularını göstermektedir.

4.2.3 Ölçek Değişimi ve Seyreltme

İlk defa Wilson[26] tarafından önerilen RG yaklaşımı kritik olayların incelenmesinde kullanılan bir metod olup sistemdeki serbestlik derecesinin (yani değişken sayısının) düşürülmesi, yani seyreltilmesi esasına dayanır. Gerçek uzay RG yaklaşımı Kadanoff[28] tarafından önerilen ve sistemi hücrelere ayırarak her bir hücrede yapılan seyrelme işlemi sonunda elde edilen sistemin yeni durumu (yani kabalaştırılmış resmi) ile orjinal sistemin karşılaştırılması yoluyla sistemin ölçeklenme davranışının ve böylece de kritik üstellerin elde edilmesi esasına dayanır. Dinamik RG yaklaşımı ise hücrelere ayırma yöntemi ile Suzuki[19,20,29] tarafından önerilen zamanda kabalaştırma altında sistemin ölçeklenme davranışının incelenmesini sağlar.

Şimdi kinetik Ising modelinde en yakın komşu sayısının Γ olduğu durum için dinamik RG yaklaşımının nasıl uygulanacağına bakalım.

En yakın komşu sayısının Γ olduğu durumda spinleri $\left(d = \frac{\Gamma}{2}\right)$-boyutlu bir uzayda konumlanmış olan bir hiper küpün köşelerine yerleşmiş olarak düşünebiliriz. Yeni bir notasyon tanımlayarak üzerinde işlem yapacağımız spini σ_0 ile bu spinin en yakın komşularını da $i = 1, 2, ..., \Gamma$ olmak üzere σ_1^i'lerle göstererlim. Bu spini ve yakın çevresini aşağıda verilmiş olan resim aracılığıyla şöyle düşünebiliriz:



Şekil 4.2.3.1 En yakın komşu sayısının Γ olduğu düzenli bir latis üzerinde bir spin ve en yakın komşuları.

σ_0 spininin beklenen değerindeki değişim (4.2.2.18) denklemiyle verilmişti. Şimdi bu denklemi tanımlanmış olan yeni notasyonla yazarsak,

$$\frac{d}{dt} m_0(t) = -m_o(t) + a_1(K) \sum_{i=1}^{\Gamma} m_1^i(t) + g(K) \qquad (4.2.3.1)$$

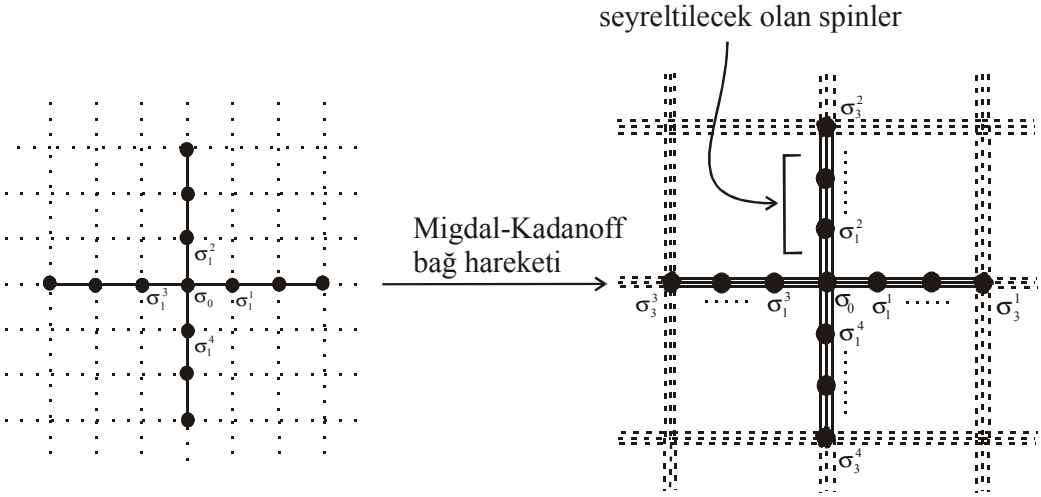
olarak elde edilir. Bu denklemdeki $m_0(t)$ σ_0'ın t anındaki beklenen değerini, $m_1^i(t)$ de bu spinin en yakın komşularından i'incisinin t anındaki beklenen değerini göstermektedir.

Dinamik RG yaklaşımında izlenen yol zamanda bir kabalaştırma yaparak sistemin serbestlik derecesini azaltmak (yani uzayda da kabalaştırma yapmak) böylece de $m_0(t)$'deki değişimi $m_\lambda^i(t)$'ler $(\lambda > 1)$ cinsinden elde etmektir. Bunun nasıl yapılacağı ise şimdi anlatılacaktır.

1. İlk önce sistem λ^d hacimli hücrelere ayrılarak Migdal-Kadanoff[27,28] yöntemi ile sistemdeki bağlar hareket ettirilir. Bağların hareket ettirilmesi sonucu sistemdeki bazı spinler yok edilmiştir. Geri kalan spinler arasındaki

etkileşimler ise başlangıçta K iken bu işlem sonunda $\lambda^{d-1}K$ haline gelir. Bunun 2-boyutta $\lambda = 3$ için nasıl yapıldığı aşağıdaki resimde gösterilmiştir.

2. Bundan sonra ise köşede yer alan σ_0 spinin beklenen değerindeki değişimi $m_\lambda^i(t)$'ler cinsinden elde etmek için her yönde $(i = 1,2,.....,\Gamma)$ bir boyutta seyretme işlemi yapılır. Seyreltme işleminin hangi spinler üzerinden yapılacağı aşağıdaki resimde 2-boyutta $\lambda = 3$ olduğu durum için gösterilmektedir. Bu işlem her yön için ayrı ayrı yapılmaktadır.



Şekil 4.2.3.2 Kare latis üzerinde $\lambda = 3$ olduğu durumda Migdal-Kadanoff bağ hareketi sonucu latisin yeni durumu gösteriliyor. Bu işlem sonunda her yöndeki bağ sayısı (yani etkileşim) λ katına çıkmaktadır. Daha sonra ise her yönde 1-boyutta seyretme yapılıyor. Burada ikinci yön için hangi spinler üzerinden seyreltme işleminin yapılacağı gösterilmektedir.

Anlatılan birinci işlem sonunda (4.2.3.1) denkleri şu hale gelir:

$$\frac{d}{dt}m_0(t) = -m_o(t) + a\left(\lambda^{d-1}K\right)\sum_{i=1}^{\Gamma} m_1^i(t) + g\left(\lambda^{d-1}K\right) \qquad (4.2.3.2)$$

Bu denklemde $a_1\left(\lambda^{d-1}K\right)$'daki 1 indisini daha sonra yapılacak işlemlerdeki katsayılarla karıştırmaması için attık. Şimdi 1-boyuttaki seyretme işleminin nasıl yapılacağına bakalım. i'inci yönde yapılacak olan seyreltme işlemi için, $m_1^i(t)$'nin hareket denklemini (4.2.2.16) aracılığıyla yazarsak,

$$\frac{d}{dt}m_1^i(t) = -m_1^i(t) + a_1\left(\lambda^{d-1}K\right)\left(m_0(t) + m_2^i(t)\right) + a_2\left(\lambda^{d-1}K\right)\langle\Psi_2\rangle \tag{4.2.3.3}$$

olarak elde edilir. Burada $\Psi_2 = \sigma_0\sigma_2^i$'dir. Şimdi denklem (4.2.2.10)'dan yaralanarak $a_1\left(\lambda^{d-1}K\right)$ ve $a_2\left(\lambda^{d-1}K\right)$ katsayılarını hesaplarsak,

$$a_1\left(\lambda^{d-1}K\right) = \frac{1}{2}\tanh\left(2\lambda^{d-1}K\right)$$
$$a_2\left(\lambda^{d-1}K\right) = 0 \tag{4.2.3.4}$$

olarak elde edilir. Bu durumda $\gamma_\lambda \equiv \frac{1}{2}\tanh\left(2\lambda^{d-1}K\right)$ olmak üzere (4.2.3.3) eşitliği şu hale gelir:

$$\frac{d}{dt}m_1^i(t) = -m_1^i(t) + \gamma_\lambda\left(m_0(t) + m_2^i(t)\right) \tag{4.2.3.5}$$

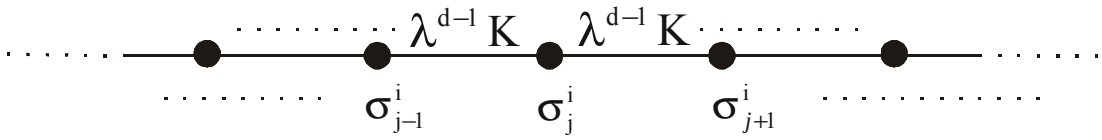
Bu denklemi,

$$\left(1 + \frac{d}{dt}\right)m_1^i(t) = \gamma_\lambda\left(m_0(t) + m_2^i(t)\right) \tag{4.2.3.6}$$

olarak yazıp Laplace[30] dönüşümünü alırsak,

$$(1+s)m_1^i[s] = \gamma_\lambda\left(m_0[s] + m_2^i[s]\right) \tag{4.2.3.7}$$

olarak elde edilir. Aşağıdaki resimde i'inci yönde yer alan herhangi bir σ_j^i spini ve yakın çevresi gösterilmektedir.



Şekil 4.2.3.3 1-boyutta i'inci yöndeki herhangi bir j spini ve yakın çevresi. Spinin en yakın komşularıyla etkileşiminin $\lambda^{d-1}K$ olduğu görülüyor.

Bu resimden ve denklem (4.2.3.7)'den de görüldüğü gibi $m_j^i[s]$ için hareket denklemi,

$$(1+s)\,m_j^i[s] = \gamma_\lambda \left(m_{j-1}[s] + m_{j+1}^i[s] \right) \tag{4.2.3.8}$$

şeklindedir. Bundan sonraki işlemlerde (4.2.3.8) denklemi kullanılacaktır. Eğer bu denklemde $m_1^i(t)$'yi $m_0(t)$ ve $m_\lambda^i(t)$ cinsinden elde edebilirsek amacımıza ulaşmış olacağız. Şimdi i'inci yöndeki spinler için ($j = 1, 2, ..., \lambda - 1$) hareket denklemlerini art alta yazalım ve bu denklem setinden bir matris oluşturalım.

$$\begin{aligned}
&(1+s)\,m_1^i[s] - \gamma_\lambda\, m_2^i[s] = \gamma_\lambda\, m_0[s] \\
&(1+s)\,m_2^i[s] - \gamma_\lambda \left(m_1^i[s] + m_3^i[s] \right) = 0 \\
&(1+s)\,m_3^i[s] - \gamma_\lambda \left(m_2^i[s] + m_4^i[s] \right) = 0 \\
&\text{.....} \\
&(1+s)\,m_{\lambda-1}^i[s] - \gamma_\lambda\, m_{\lambda-2}^i[s] = \gamma_\lambda\, m_\lambda^i[s]
\end{aligned} \tag{4.2.3.9}$$

Bu denklem setini $A\,\vec{M}^{(i)} = \vec{B}^{(i)}$ olarak yazabiliriz. Burada $\vec{M}^{(i)}$ ve $\vec{B}^{(i)}$,

$$\vec{M}^{(i)} \equiv \begin{pmatrix} m_1^i \\ m_2^i \\ . \\ . \\ . \\ m_{\lambda-1}^i \end{pmatrix}, \quad \vec{B}^{(i)} \equiv \begin{pmatrix} \gamma_\lambda\, m_0 \\ 0 \\ 0 \\ . \\ 0 \\ \gamma_\lambda\, m_\lambda^i \end{pmatrix} \tag{4.2.3.10}$$

olarak A ise,

$$A \equiv \begin{pmatrix}
(1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & 0 & . & . & . & 0 \\
-\gamma_\lambda & (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & & & & 0 \\
0 & -\gamma_\lambda & (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & & & . \\
0 & 0 & -\gamma_\lambda & . & . & 0 & & . \\
. & . & 0 & . & . & . & 0 & . \\
. & . & . & 0 & . & . & . & 0 \\
. & . & . & . & 0 & . & . & -\gamma_\lambda \\
0 & 0 & . & . & . & 0 & -\gamma_\lambda & (1+s)
\end{pmatrix} \tag{4.2.3.11}$$

olarak tanımlanmıştır. Yani $i = 1, 2, ..., \lambda - 1$ olmak üzere $A_{ij} = (1+s)\delta_{i,j} - \gamma_\lambda \left(\delta_{i,j-1} + \delta_{i,j+1}\right)$ olarak tanımlanmıştır. Şimdi bu denklem setini $M_1^{(i)}$ için çözelim.

$$\overrightarrow{M}^{(i)} = A^{-1}\,\overrightarrow{B}^{(i)} \tag{4.2.3.12}$$

$$A^{-1} = \frac{\text{adj}A}{\det A} \quad , \quad (\text{adj}\,A)_{ij} \equiv \tilde{A}_{ji} \tag{4.2.3.13}$$

Burada tanımlanmış olan $\tilde{A}_{ji}$, A matrisinin j'inci satırı ve i'inci sütunu çıkarıldıktan sonra elde edilen matrisin determinantının alınarak $(-1)^{j+i}$ ile çarpılmasından elde edilen büyüklüktür. Böylece,

$$M_1^{(i)} = \frac{1}{\det A}\sum_{j=1}^{\lambda-1} \tilde{A}_{j1}\, B_j^{(i)} = \frac{1}{\det A}\left[\tilde{A}_{11}\, B_1^{(i)} + \tilde{A}_{(\lambda-1)1}\, B_{\lambda-1}^{(i)}\right] \tag{4.2.3.14}$$

olarak elde edilir. Şimdi, $(\lambda-1)\times(\lambda-1)$ boyutlu matris olan A'nın determinantını $\det A \equiv D_{\lambda-1}(s)$ olarak tanımlarsak,

$$\tilde{A}_{11} = (-1)^{1+1}\, D_{\lambda-2}(s) \tag{4.2.3.15}$$

olur. $\tilde{A}_{(\lambda-1)1}$ ise,

$$\tilde{A}_{(\lambda-1)1} = (-1)^{\lambda-1+1} \det \begin{pmatrix} -\gamma_\lambda & 0 & 0 & . & . & . & 0 \\ (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & & & & 0 \\ -\gamma_\lambda & (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & & & . \\ 0 & -\gamma_\lambda & (1+s) & . & . & & . \\ . & & -\gamma_\lambda & . & . & . & . \\ . & & & . & . & . & 0 \\ 0 & . & . & 0 & -\gamma_\lambda & (1+s) & -\gamma_\lambda \end{pmatrix}$$

(4.2.3.16)

olur. Buradaki determinant hesaplandığında,

$$\tilde{A}_{(\lambda-1)1} = (-1)^{\lambda} (-\gamma_{\lambda})^{\lambda-2} = (\gamma_{\lambda})^{\lambda-2} \tag{4.2.3.17}$$

elde edilir. Böylece $M_1^{(i)}$,

$$M_1^{(i)} = m_1^i = \frac{1}{D_{\lambda-1}(s)}\left[\gamma_{\lambda} D_{\lambda-2}(s) m_0 + (\gamma_{\lambda})^{\lambda-1} m_{\lambda}^i\right] \tag{4.2.3.18}$$

ve

$$D_{\lambda-1}(s) m_1^i = \left[\gamma_{\lambda} D_{\lambda-2}(s) m_0 + (\gamma_{\lambda})^{\lambda-1} m_{\lambda}^i\right] \tag{4.2.3.19}$$

olarak bulunur. Böylece m_1^i'yi m_0 ve m_{λ}^i cinsinden yazma işlemini tamamlamış bulunuyoruz.

Şimdi (4.2.3.1) denklemine geri dönelim ve bu denklemin Laplace dönüşümü alınmış halini yazalım.

$$(1+s) m_0[s] = a\left(\lambda^{d-1} K\right) \sum_{i=1}^{\Gamma} m_1^i[s] + g\left(\lambda^{d-1} K\right) \tag{4.2.3.20}$$

Bu denklemin her iki tarafını da $D_{\lambda-1}(s)$ ile çarparsak ve (4.2.3.19)'da bulduğumuz eşitliği bu denklemde yerine yazarsak m_0'ı m_{λ}^i'ler cinsinden elde etmiş oluruz.

$$(1+s) D_{\lambda-1}(s) m_0[s] = a\left(\lambda^{d-1} K\right) \sum_{i=1}^{\Gamma}\left[\gamma_{\lambda} D_{\lambda-2}(s) m_0 + (\gamma_{\lambda})^{\lambda-1} m_{\lambda}^i\right] + D_{\lambda-1}(s) g\left(\lambda^{d-1} K\right) \tag{4.2.3.21}$$

Bu denklemde gerekli düzenlemeler yapılırsa,

$$\begin{aligned} &\left[(1+s) D_{\lambda-1}(s) - \Gamma \gamma_{\lambda} a\left(\lambda^{d-1} K\right) D_{\lambda-2}(s)\right] m_0[s] = \\ &\left[a\left(\lambda^{d-1} K\right)(\gamma_{\lambda})^{\lambda-1} \sum_{i=1}^{\Gamma} m_{\lambda}^i + D_{\lambda-1}(s) g\left(\lambda^{d-1} K\right)\right] \end{aligned} \tag{4.2.3.22}$$

halini alır. Şimdi bu denklemde eşitliğin sol tarafında s'ye göre gerekli düzenlemeler yapılıp s'nin yüksek mertebeden olan terimleri ihmal edilirse denklem,

$$\left[\left(D_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D_{\lambda-2}\right)+\left(D_{\lambda-1}+D'_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D'_{\lambda-2}\right)s\right]m_0[s]=$$
$$\left[a\left(\lambda^{d-1}K\right)(\gamma_\lambda)^{\lambda-1}\sum_{i=1}^{\Gamma}m_\lambda^i+D_{\lambda-1}(s)\,g\left(\lambda^{d-1}K\right)\right]$$

(4.2.3.23)

halini alır. Burada $D_{\lambda-1}\equiv D_{\lambda-1}(s=0)$, $D'_{\lambda-1}\equiv\left(\frac{d}{ds}D_{\lambda-1}(s)\right)\Big|_{s=0}$ olarak tanımlanmaktadır. Şimdi bu denklemi tekrar biraz düzenleyerek yazarsak,

$$\left[1+\frac{\left(D_{\lambda-1}+D'_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D'_{\lambda-2}\right)}{\left(D_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D_{\lambda-2}\right)}s\right]m_0[s]=$$
$$\left[\frac{a\left(\lambda^{d-1}K\right)(\gamma_\lambda)^{\lambda-1}}{\left(D_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D_{\lambda-2}\right)}\sum_{i=1}^{\Gamma}m_\lambda^i+\frac{D_{\lambda-1}(s)}{\left(D_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D_{\lambda-2}\right)}g\left(\lambda^{d-1}K\right)\right]$$

(4.2.3.24)

olarak elde ederiz.

4.2.4 Dinamik Kritik Üstelin Elde Edilmesi

Şimdi (4.2.3.20) denklemini bir $s'\neq s$ için yazalım ve bunu yukarıda elde ettiğimiz (4.2.3.24) numaralı denklem ile karşılaştıralım.

$$(1+s')m_0[s']=a(K')\sum_{i=1}^{\Gamma}m_1^i[s']+g(K') \qquad (4.2.4.1)$$

Buradan görülüyor ki,

$$\frac{s'}{s}=\frac{\left(D_{\lambda-1}+D'_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D'_{\lambda-2}\right)}{\left(D_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D_{\lambda-2}\right)} \qquad (4.2.4.2)$$

$$a(K')=\frac{a\left(\lambda^{d-1}K\right)(\gamma_\lambda)^{\lambda-1}}{\left(D_{\lambda-1}-\Gamma\gamma_\lambda\, a\left(\lambda^{d-1}K\right)D_{\lambda-2}\right)} \qquad (4.2.4.3)$$

olarak elde edilmektedir.

K*, RG dönüşümünün sabit noktası olup K=K* iken $a(K'=K^*)=a(K=K^*)$'dır. Bu eşitlikten K* tayin edildikten sonra dinamik kritik üstel z,

$$\left.\frac{s'}{s}\right|_{K=K^*} = \lambda^z \qquad (4.2.4.4)$$

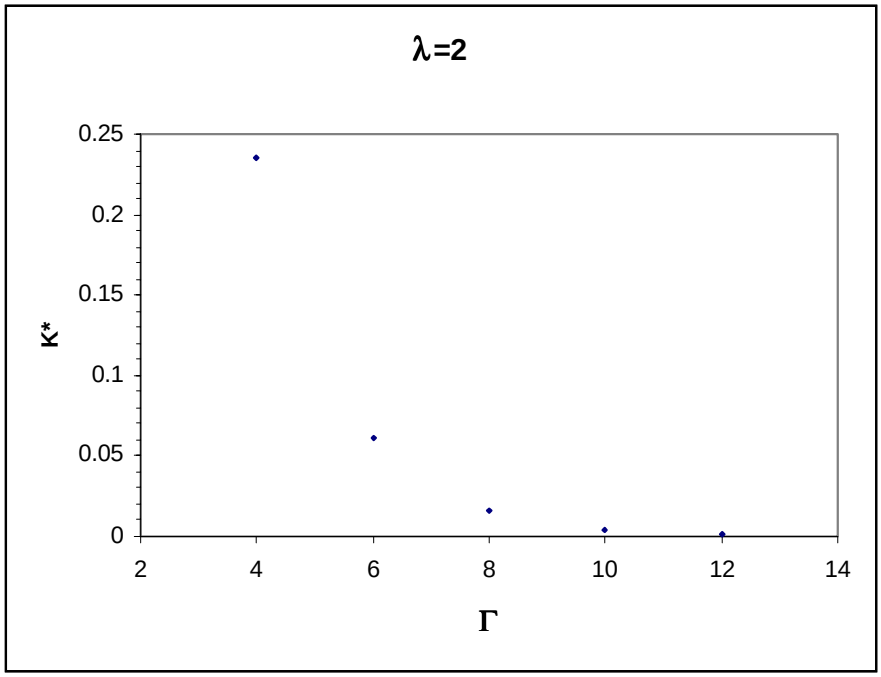
eşitliğinden hesaplanır. $D_\lambda(s)$'lerin nasıl hesaplandığı Ek C'de ayrıntılı olarak verilmiştir.

Dinamik RG hesapları sonucunda elde ettiğimiz sabit nokta ve dinamik kritik üstel değerleri aşağıdaki tabloda verilmektedir.

Tablo 4.2.4.1 Dinamik kritik üstelin (z'nin) en yakın komşu sayısı (Γ) ile değişimi.

$\Gamma = 2d$	λ	K*	z
4	2	0.235	1.8513
	3	0.184	1.79834
6	2	0.0616	1.44522
	3	0.0365	1.43342
8	2	0.0157	1.17089
	3	0.00713	1.1946
10	2	0.0038	1.05228
	3	0.00136	1.07913
12	2	0.000975	1.01675
	3	0.000265	1.03233

Tablo 4.2.4.1'den görüldüğü gibi, RG dönüşümünün sabit noktası ve dinamik kritik üstel değerleri, en yakın komşu sayısı arttıkça azalmaktadır. Her boyut (d) için farklı bir sabit nokta elde etmiş olmamız, uzaysal boyutun kesikli değil de sürekli olduğu düşünüldüğünde, (ters) sıcaklık-Γ uzayında bir kritik çizginin varlığına işaret etmektedir. Aşağıdaki grafikte K* değerleri ile Γ arasındaki ilişki gösterilmektedir.



Şekil 4.2.4.1 K*'ın Γ ile ilişkisi.

4.3 Hiyerarşik Latis Üzerinde Durulma Zamanları Hiyerarşisi

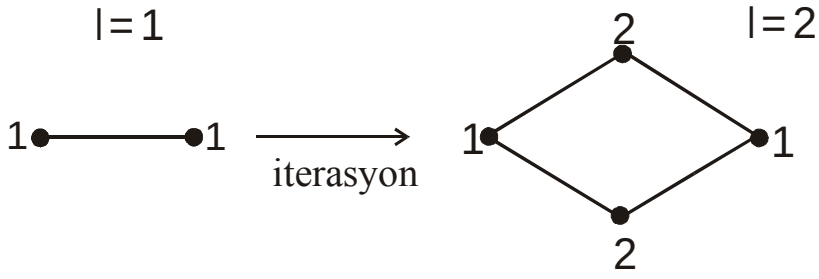
4.3.1 Hiyerarşik Latiste Komşu Sayısı Dağılımı

En yakın komşu sayısı dağılımının bir kuvvet yasasına tabi olduğu şebekedeki noktaları, bir hiyerarşik latis üzerine yerleşmiş olarak düşünmek mümkündür. Bu hiyerarşik latis şu şekilde türetilebilir: Her bağcık bir sonraki kuşakta baklava dilimiyle yer değiştirir, böylece yeni kuşaktaki bağ sayısı bir öncekinin 4 katı olur. Latisin başlangıçtaki durumu $l = 1$ ile gösterilmek üzere, her bir kuşağı l ile temsil edelim. Böyle bir hiyerarşik latiste her kuşakta oluşan noktaların farklı komşu sayılarına sahip olacakları kolayca görülebilir. Şimdi, bu komşu sayısı dağılımı hesabedelim.



Şekil 4.3.1.1 $l = 1$'inci kuşaktaki bağcık.

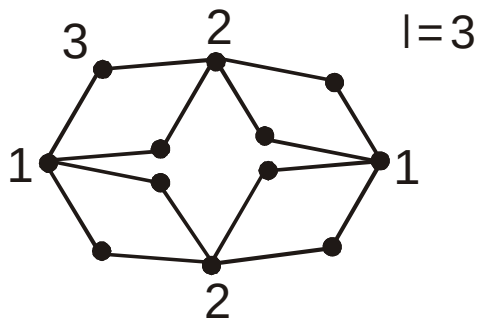
Şekil 4.3.1.1'de, yukarıda anlatılan türetme işlemi altında, bir hiyerarşik latisin inşasına başlangıç oluşturacak bağcık gösterilmektedir. Başlangıç drumunda sadece 1 tipi noktalar bulunmaktadır. Her bir bağcık bir sonraki kuşakta baklava dilimiyle yer değiştirmekte ve yeni tip noktalar ortaya çıkmaktadır. 1 tipi noktaların komşu sayısının şekillerde gösterilenlerden daha fazla olduğuna dikkatinizi çekmek isteriz. Çünkü bunlar, büyük bir örgünün parçalarıdır. Bu özel durumdan ötürü, komşu sayısı dağılımı hesaplanırken 1 tipi noktalar göz önünde bulundurulmayacaktır.



(a) (b)

Şekil 4.3.1.2 (a)'da, l=1 kuşağındaki bir bağcık (b)'de, bağcığın iterasyon sonundaki (l=2'inci kuşaktaki) durumu gösterilmektedir.

Şekil 4.3.1.2 (b)'de, l=2 numaralı kuşakta örgünün yapısı ve bu kuşaktaki nokta tipleri gösterilmektedir. Bu kuşakta 1 ve 2 tipi noktalar mevcuttur. Komşu sayısını Γ, Γ-komşulu nokta sayısını $\mathrm{n}(\Gamma)$ ile gösterirsek, 2 tipi noktalar için $\Gamma = 2$, $\mathrm{n}(\Gamma) = 2$ olduğu görülmektedir.



Şekil 4.3.1.3 l=3 numaralı kuşak.

Şekil 4.3.1.3'de, l=3 numaralı kuşak ve bu kuşaktaki nokta tipleri gösterilmektedir. Bu kuşakta 1, 2 ve 3 tipi noktalar mevcuttur. 2 ve 3 tipi noktalar için, sırayla, Γ 4 ve 2, $\mathrm{n}(\Gamma)$ ise 2 ve 8'dir.

Benzeri şekilde iterasyona devam edildiğinde, l=4 numaralı kuşakta 1, 2, 3 ve 4 tipi noktalar yer almakadır. 2, 3 ve 4 tipi noktalar için Γ ve $\mathrm{n}(\Gamma)$ değerleri sırayla şöyledir: $\Gamma = \{8,4,2\}$ ve $\mathrm{n}(\Gamma) = \{2,8,32\}$.

Şimdi, l'inci kuşaktaki noktaları, en son ortaya çıkan noktayı (bu, l tipi nokta olur) m=0 ile indislemek üzere, dıştan içe doğru indislersek, m değerleri $m = 0,1,2,...l-2$'ye kadar gidecektir. Bundan sonra m indisli noktanın komşu sayısını Γ_m ile göstereceğiz. Bir kuşaktaki (l'inci kuşak) m indisli noktanın komşu sayısı şöyledir:

$$\begin{aligned} &m = 0,\ \Gamma_0 = 2 \\ &m = 1,\ \Gamma_1 = 4 \\ &m = 2,\ \Gamma_2 = 8 \\ &\quad . \\ &\quad . \\ &\text{herhangi } m \text{ için} \quad \Gamma_m = 2^{m+1} \end{aligned} \tag{4.3.1.1}$$

l'inci kuşaktaki bağcık sayısı 4^{l-1}'dir. m indisli nokta sayısını n_m ile gösterirsek, n_m değerleri şu şekildedir:

$$m = 0,\ n_0 = \frac{4^{l-1}}{2} = 2^{2l-3}$$

$$\begin{aligned} &m = 1,\ n_1 = 2^{2(l-1)-3} \\ &m = 2,\ n_2 = 2^{2(l-2)-3} \\ &\quad . \\ &\quad . \\ &\text{herhangi } m \text{ için } n_m = 2^{2(l-m)-3} \end{aligned} \tag{4.3.1.2}$$

m indisli nokta sayısının, komşu sayısı Γ_m olan nokta sayısı olduğuna dikkatinizi çekeriz. Bu durumda, en yakın komşu sayısı (yani bağ sayısı) dağılımını ($n(\Gamma_m)$),

$$n(\Gamma_m) = A_l (\Gamma_m)^{-\tau} \tag{4.3.1.3}$$

şeklinde yazar ve sabit bir l için m=0 ve m=1'deki değerleri kullanırsak, A_l ve τ değerlerini hesabedebiliriz.

$$\begin{aligned} &\mathrm{m}=0 \;\Rightarrow\; \Gamma_{\mathrm{m}}=2, \quad \mathrm{n}\left(\Gamma_{\mathrm{m}}\right)=2^{2l-3}=\mathrm{A}_l\left(2\right)^{\tau} \\ &\mathrm{m}=1 \;\Rightarrow\; \Gamma_{\mathrm{m}}=2^2, \quad \mathrm{n}\left(\Gamma_{\mathrm{m}}\right)=2^{2(l-1)-3}=\mathrm{A}_l\left(2^2\right)^{\tau} \end{aligned} \tag{4.3.1.4}$$

Bu ifadeden,

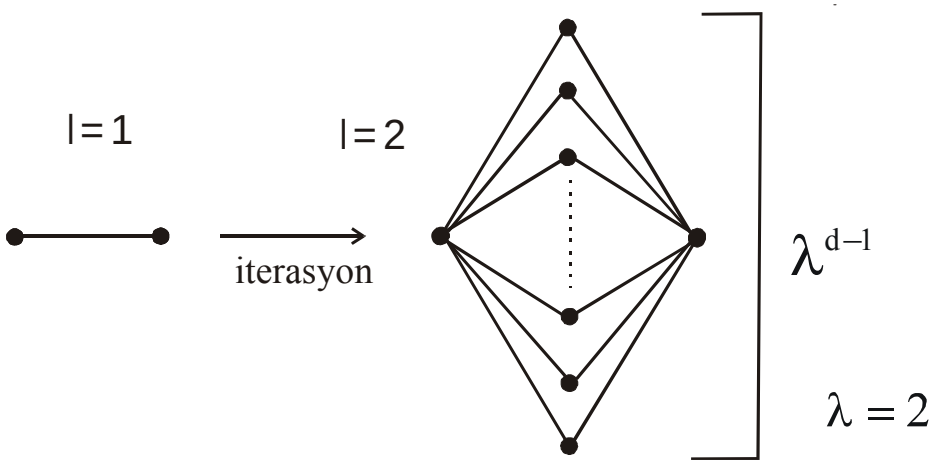
$$\begin{aligned} &\tau=2 \\ &\mathrm{A}_l=2^{2l-1} \end{aligned} \tag{4.3.1.5}$$

olarak elde edilir. Böylece l'inci kuşaktaki en yakın komşu sayısı dağılımını,

$$\mathrm{n}_l\left(\Gamma_{\mathrm{m}}\right)=2^{2l-1}\left(\Gamma_{\mathrm{m}}\right)^{-2} \tag{4.3.1.6}$$

olarak elde etmiş oluruz. (4.3.1.6) numaralı eşitlikten görüldüğü gibi bu tip bir hiyerarşik latiste en yakın komşu sayısı dağılımı bir kuvvet yasası şeklindedir. Fakat bu dağılım bizim gen şebekesindeki dağılımdan çok daha hızlı azalmaktadır. Buna rağmen, bu tip bir hiyerarşik latiste en yakın komşu sayısı dağılımının bir kuvvet yasasına tabi olduğunu göstermiş olmamız, gen şebekesini böyle bir latis üzeride düşünebileceğimizi göstermektedir.

Buraya kadar elde edilen eşitlikler, l=1 kuşağında, her noktanın en yakın komşu sayısının 4 olduğu kare latis için geçerlidir. En yakın komşu sayısının Γ olduğu bir hiperkübik örgü için değişen tek şey, bir sonraki kuşakta bağcıkların baklava dilimiyle değil başka bir birim hücreyle yer değiştirmesidir. Şekil 4.3.1.4'de, l=1'inci kuşaktaki bir bağcığın bir sonraki kuşakta nasıl bir birim hücre ile yer değiştireceği gösterilmektedir.



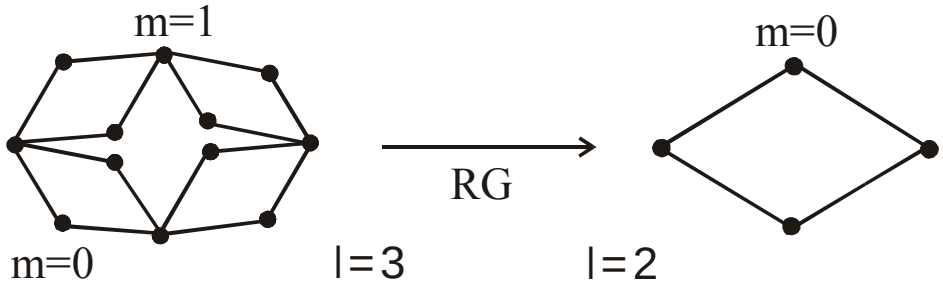
Şekil 4.3.1.4 Bir bağcığın bir sonraki kuşakta yer değiştireceği birim hücre gösterilmektedir.

l=2'inci kuşakta ortaya çıkan yeni tip noktaların sayısı $2^{\frac{\Gamma}{2}-1}$, toplam bağ sayısı ise $2^{\Gamma/2}$ olacaktır.

Bu durumda da yine, elde edilen hiyerarşik latiste, en yakın komşu sayısı dağılımı bir kuvvet yasası şeklinde olacaktır.

4.3.2 Durulma Zamanları Hiyerarşisi

Renormalizasyon grubu dönüşümü altında, en dıştaki spinlerin (m=0 indisli spinlerin) seyreltilmesiyle, geriye kalan spinlerin bağ sayıları yarıya inmekte ve l'inci kuşaktaki latis l-1'inci kuşaktaki haline dönüşmektedir. Şekil 4.3.2.1'de, Şekil 4.3.1.3'de verilmiş olan, l=3'üncü kuşaktaki latisin RG dönüşümü altında neye gideceği gösterilmektedir.



Şekil 4.3.2.1 l=3 numaralı kuşağın kabalaştırma (RG dönüşümü) altındaki yeni durumu.

Bu dönüşüm altında komşu sayısı dağılımının şeklinin değişmeyeceği açıktır. Şimdi, zamanın ölçeğini de, $t \to t' = \frac{t}{\lambda^z}$ şeklinde değiştirecek olursak, sistemdeki durulma zamanları (τ_m'ler) şu şekilde ölçeklenecektir:

$$\tau_m \to \tau'_{m-1}$$

$$\tau'_{m-1} = \frac{\tau_{m-1}}{\lambda^z} = \tau_m \qquad (4.3.2.1)$$

$$\tau_{m-1} = \lambda^z \tau_m$$

Bu eşitlikten de,

$$\tau_m = \lambda^{mz} \tau_0 \qquad (4.3.2.2)$$

eşitliğini elde ederiz. Bu eşitlik bize sistemdeki farklı tipteki (farklı indisli) noktaların durulma zamanları hiyerarşisini vermektedir.

Genel durum için de, hiyerarşik latisin dinamik RG dönüşümü altındaki durumundan yine (4.3.2.2) numaralı denklemde verilmiş olan eşitlik elde edilecektir.

5. SONUÇLAR VE TARTIŞMA

Gen ifadesinin hangi biyolojik yolla olduğunu anlamak için önermiş olduğumuz bu çok basit, gelişi güzel "bit-string" modelinde oluşan gen şebekesinin küçük-dünya ve ölçekten bağımsız olduğunu, yani karmaşık ve kendiliğinde kritik olduğunu bulduk. Bu bulgu organizmaların uyarılara her ölçekte ve karmaşık tepkimeler verebileceğini söylemektedir. Bizim modelimizde hiç bir seçilim baskısı olmadığı halde bu kendiliğinden kritik ve karmaşık davranışı gözlemiş olmamız bize evrimin gen etkileşimi şebekesinin ancak ince ayarını yaptığını, tamamen rasgele oluşan bir gen diziliminde bu imkanın baştan itibaren mevcut olduğunu söyleme imkanı verdi.

Gen ifadesi şebekesini bir kinetik Ising modeli ile eşleştirdik. Böylece, herhangi tepkime süreci içinde ortaya çıkabilecek farklı zaman ölçekleri dağılımını, komşu sayısı dağılımı bir kuvvet yasasına tabi olan, böylece de serbesti derecelerinin seyreltilmesi altında envaryant olan şebekelerde ortaya çıkabilecek sönümlenme zamanı dağılımı ile paralellik kurarak inceleyebileceğimizi gördük. Bu amaçla, kinetik Ising modeli için dinamik RG hesaplarını Γ-bağcıklı şebekelere genelleştirdik. Ölçekten bağımsız bir şebekeyi, bir hiyerarşik latis üzerine konumlanmış olarak düşünerek bu hiyerarşik latis için durulma zamanları hiyerarşisini elde ettik.

KAYNAKLAR

[1] **Griffiths, A.J.F., Gelbart, W.M., Miller, J.H. and Lewontin, R.C.,** 1999. Modern Genetic Analysis, W. H. Freeman and Company, New York.

[2] **Bolsover, S.R., Hyams, J.S., Jones, S., Shephard, E.A. and White, H.A.,** 1997. From Genes to Cells, John Willey & Sons, Inc., New York.

[3] **Smith, J.M. and Szathmary, E.,** 1999. The Origin Of Life: From the Birth of Life to the Origin of Language, Oxford University Press Inc., New York.

[4] **Tucker, C.L, Gera, J.E. and Uetz, P.,** 2001. Towards an understanding of complex protein networks, Trends Cell Biol. **11**, 102-106.

[5] **Zamir, E. and Geiger, B.,** 2001. Molecular complexity and dynamics of cell-matrix adhesions, J. Cell Sci., **114**, 3583-3590.

[6] **Vidal, M.A.,** 2001. A biological atlas of functional maps, Cell, **104**, 333-339.

[7] **Storch, K-F., Lipan, O., Leykin, I., Viswanathan, N., Davis, F.C., Wong, W.H. and Weitz, C.J.,** 2002. Extensive and divergent circadian gene expression in Liver and Heart, Nature, **417**, 78-83.

[8] **Guet, C., Elowitz, M.B., Hsing W., Leibler, S.,** 2002. Combinatorial synthesis of gene networks, Science, **296**, 1466-1470.

[9] **Becskei, A. and Serrano, L.,** 2000. Engineering stability in gene networks by autoregulation, Nature, **405**, 590.

[10] **Maniatis, T. and Reed, R.,** 2002. An extensive network of coupling among gene expression machine, Nature, **416**, 499-506.

[11] **Jeong, H.**, 2003. Complex scale-free networks, Physica A, **321**, 226-237.

[12] **Dorogovtsev, S.S., Mendes, J.F.F.,** 2002. Evolution of networks, Advances in Physics, **51**, 1079-1187.

[13] **Garfield, E.**, 1972. Citation analysis as a tool in journal evolution, Sience, **178**, 471.

[14] **Newman, M.E.J.,** 2001. Scientific collaboration networks, Phys. Rev. E, **64**.

[15] **Huberman, B.A. and Adamic, L.A.,** 1999. Growth dynamics of the world wide web, Nature, **401**, 131.

[16] **Canniag, A. and Gardner, E.,** 1988. Partially connected models of neural networks, J. Phys. A, **21**, 3275-3284.

[17] **Jeong, H., Tombor, B., Albert, R., Oltvai, Z.N., and Barabasi, A-L.,** 2000. The large scale organization of metabolic networks, Nature, **403**, 651.

[18] **Murdoch, W.W., Kendall, B.E., Nisbet, R.M., Briggs, C.J., McCauley, E. and Bolser, R.,** 2002. Single-species model for many species food webs, Nature, **417**, 541-543.

[19] **Suzuki, M.,** 1979. The Migdal approximation and other new methods in the real-space renormalization group approach to critical dynamics, Dynamical Critical Phenomena and Related Topics, pp.75-96, Eds. Enz, C.P., Springer-Verlag, New York.

[20] **Suzuki, M., Sogo, K., Matsuba, I., Ikeda, H., Chikama, T., Takano, H.,** 1979. Real-space renormalization group approach to critical dynamics, Prog. Theor. Phys., **61**, 864-880.

[21] **Kadanoff, L.P.,** 1969. Operator algebra and determination of critical indices, Phys. Rev. Lett., **23**, 1430.

[22] **Kadanoff, L.P.** and **Ceva, H.,** 1971. Determination of operator algebra for 2-dimensional Ising model, Phys. Rev. B, 3918.

[23] **Huang, K.**, **Second Edition.** Statistical Mechanics.

[24] **Glauber, R.J.,** 1963. J. Math. Phys., **4**, 294.

[25] **Suzuki, M., Kubo, R.,** 1968. J. Phys. Soc. Japan, **24**, 51.

[26] **Wilson, K.G.,** 1971. Renormalization group and critical phenomena .1. Renormalization group and Kadanoff scaling, Phys. Rev. B, **4**, 3174-3184.

[27] **Migdal, A.A.,** 1975. Recursion equations in gauge field theories, Zh. Eksp. i Teor. Fiz., **69**, 810-822.

[28] **Kadanoff, L.P.,** 1975. Notes on Migdal recursion formula, Ann. of Phys., **100**, 359.

[29] **Suzuki, M.,** 1974. On the derivation of dynamic scaling law by means of Kadanoff's cell analysis and coarse graining of time, Prog. Teor. Phys., **51**, 1257-1259.

[30] **Achiam, Y.,** 1978. Real space time-dependent renormalization group of one-dimensional Ising model, J. Phys. A, **11**, 975.

[31] **Berker, A.N., Ostlund S.**, 1979. J. Phys. C, **12**, 4961.

EK A

İKİ GENİN UZUNLUKLARI ARASINDAKİ FARK 1 OLDUĞUNDA KISA GENİN DİĞER GENİN İÇİNDE BULUNMA OLASILIĞININ HESAPLANMASI

İki genin uzunlukları arasındaki fark 1 olduğunda, yani $l_j - l_i = 1$ iken, kısa olan genin diğerinin içinde bulunma olasılığını,

$$P\left(w_{ij}=1\right)=P\left(C_i=C_j^{(0)}\right)+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i=C_j^{(1)}\right) \tag{A.1}$$

olarak yazarız. Burada dizilimler, $C_i=\left\{x_{i_n}\right\}$, $C_j^{(0)}=\left\{x_{j_n}\right\}$, $C_j^{(1)}=\left\{x_{j_{n+1}}\right\}$, $n=1,2,.....,l_i$ şeklindedir. Olasılık hesaptaki ilk terim,

$$P\left(C_i=C_j^{(0)}\right)=\left\langle\prod_{n=1}^{l_i}\delta_{x_{i_n},x_{j_n}}\right\rangle=\left(\frac{1}{2}\right)^{l_i} \tag{A.2}$$

olarak elde edilir. İkinci terim ise,

$$P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i=C_j^{(1)}\right)=\left\langle\left(\sum_{n=1}^{l_i}\left[\left(\prod_{m=1}^{n-1}\delta_{x_{i_m},x_{j_m}}\right)\left(1-\delta_{x_{i_n},x_{j_n}}\right)\right]\right)\prod_{n=1}^{l_i}\delta_{x_{i_n},x_{j_{n+1}}}\right\rangle \tag{A.3}$$

olarak yazılır. Bu ifadedeki n'inci terimi A_n olarak tanımlayalım, yani

$$P\left(C_i\neq C_j^{0},C_i=C_j^{1}\right)=\sum_{n=1}^{l_i}A_n \tag{A.4}$$

olsun. Bu durumda A_1,

$$A_1=\left\langle\left(1-\delta_{x_{i_1},x_{j_1}}\right)\delta_{x_{i_1},x_{j_2}}\delta_{x_{i_2},x_{j_3}}\delta_{x_{i_3},x_{j_4}}\delta_{x_{i_4},x_{j_5}}.....\delta_{x_{il_i},x_{jl_i+1}}\right\rangle\equiv\alpha_1-\beta_1 \tag{A.5}$$

olur. Bu eşitlikten α_1 ve β_1'i tanımlayalım:

$$\alpha_1 \equiv \left\langle \delta_{x_{i_1},x_{j_2}} \delta_{x_{i_2},x_{j_3}} \delta_{x_{i_3},x_{j_4}} \delta_{x_{i_4},x_{j_5}} \ldots\ldots\ldots \delta_{x_{il_i},x_{jl_i+1}} \right\rangle$$

$$\beta_1 \equiv \left\langle \delta_{x_{i_1},x_{j_1}} \delta_{x_{i_1},x_{j_2}} \delta_{x_{i_2},x_{j_3}} \delta_{x_{i_3},x_{j_4}} \delta_{x_{i_4},x_{j_5}} \ldots\ldots\ldots \delta_{x_{il_i},x_{jl_i+1}} \right\rangle \tag{A.6}$$

α_1'in hesabı, ortalaması hesaplanacak olan büyüklükteki her değişken yalnızca bir yerde göründüğünden kolayca yapılabilir:

$$\alpha_1 = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i} \tag{A.7}$$

β_1'in hesabı ise biraz daha karmaşıktır:

$$\beta_1 = \sum_{\substack{\{x_{i_1},x_{i_2},\ldots\ldots,x_{il_i}\} \\ \{x_{j_1},x_{j_2},\ldots\ldots,x_{jl_i+1}\}}} \left(\prod_{n=1}^{l_i} P\left(x_{i_n}\right)\right)\left(\prod_{m=1}^{l_i+1} P\left(x_{j_m}\right)\right) \delta_{x_{i_1},x_{j_1}} \delta_{x_{i_1},x_{j_2}} \delta_{x_{i_2},x_{j_3}} \delta_{x_{i_3},x_{j_4}} \delta_{x_{i_4},x_{j_5}} \ldots\ldots\ldots \delta_{x_{il_i},x_{jl_i+1}}$$

(A.8)

Bu ifadeye dikkatlice bakıldığında x_{i_1} değişkeninin $\delta_{x_{i_1},x_{j_1}}$ ve $\delta_{x_{i_1},x_{j_2}}$ olmak üzere iki yerde bulunduğu görülüyor. Diğer değişkenler ise yalnızca birer defa görünmekteler. Bu durumda x_{i_1}'nin içerildiği terimleri ayıracak şekilde diğer değişkenler üzerinden toplama yapıldığında,

$$\beta_1 = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i-1} \sum_{\{x_{i_1},x_{j_1},x_{j_2}\}} P\left(x_{i_1}\right) P\left(x_{j_1}\right) P\left(x_{j_2}\right) \delta_{x_{i_1},x_{j_1}} \delta_{x_{i_1},x_{j_2}} \tag{A.9}$$

olduğu görülür. Şimdi ise geri kalan değişkenler üzerinden de toplama işlemlerini yaparsak,

$$\sum_{x_{i_1}} P\left(x_{i_1}\right) \delta_{x_{i_1},x_{j_1}} \delta_{x_{i_1},x_{j_2}} = \left(\frac{1}{2}\right) \delta_{x_{j_1},x_{j_2}} \tag{A.10}$$

olarak ve,

$$\beta_1 = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i} \sum_{\{x_{j_1}, x_{j_2}\}} P\left(x_{j_1}\right) P\left(x_{j_2}\right) \delta_{x_{j_1}, x_{j_2}} = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i+1} \tag{A.11}$$

olarak elde edilir. Buradan da A_1 şu şekilde bulunur:

$$A_1 = \alpha_1 - \beta_1 = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i+1} \tag{A.12}$$

A_2 terimi de yukarıda A_1 için yapılanlara benzer işlemlerle hesaplandığında,

$$A_2 = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i+2} \tag{A.13}$$

olarak elde edilir. A_2 hesabının A_1'den daha fazla dikkat gerektirdiğine dikkatinizi çekmek isteriz. Çünkü bu terimin hesabında birden fazla değişken birden fazla yerde görünmektedir. A_3 de benzer şekilde hesaplandığında, $A_3 = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i+3}$ olarak bulunur. Böylece A_n teriminin,

$$A_n = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i+n} \tag{A.14}$$

olduğunu söyleyebiliriz. Buradan da,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i = C_j^{(1)}\right) = \sum_{n=1}^{l_i} A_n = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i} \sum_{n=1}^{l_i} \left(\frac{1}{2}\right)^n = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i+1} \sum_{m=0}^{l_i-1} \left(\frac{1}{2}\right)^m \tag{A.15}$$

olarak elde edilir. Geometrik seri toplamı yapıldığında ise,

$$P\left(C_i \neq C_j^{(0)}, C_i = C_j^{(1)}\right) = \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i} \left[1 - \left(\frac{1}{2}\right)^{l_i}\right] \tag{A.16}$$

olarak bulunur. Böylece olasılık hesabı tamamlanmış olur ve,

$$P\left(w_{ij}=1\right)=P\left(C_i=C_j^{(0)}\right)+P\left(C_i\neq C_j^{(0)},C_i=C_j^{(1)}\right)=\left(\frac{1}{2}\right)^{l_i}\left[2-\left(\frac{1}{2}\right)^{l_i}\right] \tag{A.17}$$

olarak elde edilir.

EK B

AÇILIMDAKİ KATSAYILARIN HESABI

$a_1(K)$ katsayısını hesaplamak için sistemin içinde bulunabileceği mikroskopik durumlar ve bu mikroskopik durumlarda Ψ_1'in alacağı değerleri belirlemek gerekmektedir. $a_1(K)$ ifadesi tekrar hatırlayalım:

$$a_1(K) = \frac{\sum_{\{\sigma\}} \tanh(K\Psi_1)\Psi_1}{\sum_{\{\sigma\}} (\Psi_1)^2} \tag{B.1}$$

Bu ifadede payda yer alan terim, Ψ_1 sadece $i = 1,2,3,....,\Gamma$ indisli spinlerin (σ_i) fonksiyonu olduğundan,

$$\sum_{\{\sigma\}} \tanh(K\Psi_1)\Psi_1 = 2^{N-\Gamma} \sum_{\sigma_1,\sigma_2,...,\sigma_\Gamma} \tanh(K\Psi_1)\Psi_1 \tag{B.2}$$

halini alır. Bu ifadede geri kalan toplamı hesaplamak için ise $(\sigma_1,\sigma_2,\sigma_3,.....\sigma_\Gamma)$ setinin bulunabileceği mikroskopik durumları ve bu durumlarda Ψ_1'in alacağı değerleri belirlemek gerekmektedir. Bunu bir tablo oluşturarak yapalım.

Tablo B.1 Mikroskopik durumlar ve bu durumlarda Ψ_1'in aldığı değerler.

Γ spinden kaç tanesinin hangi değeri aldığı	bu durumu veren mikroskopik durum sayısı	Ψ_1
Γ spinin değerinin 1 olması	1	Γ
Γ spinin değerinin olması	1	$-\Gamma$
1 spinin –1, $(\Gamma-1)$ spinin -1 olması	Γ	$\Gamma-2$
1 spinin 1, $(\Gamma-1)$ spinin –1 olması	Γ	$-(\Gamma-2)$
2 spinin -1, $(\Gamma-2)$ spinin 1 olması	$\binom{\Gamma}{2}$	$(\Gamma-4)$
2 spinin 1, $(\Gamma-2)$ spinin -1 olması	$\binom{\Gamma}{2}$	$-(\Gamma-4)$
n spinin –1, $(\Gamma-n)$ spinin 1 olması	$\binom{\Gamma}{n}$	$\Gamma-2n$
n spinin 1, $(\Gamma-2)$ spinin –1 olması	$\binom{\Gamma}{n}$	$-(\Gamma-2n)$

Bu tablodan yararlanıldığında geri kalan toplamın şöyle yazılabileceği görülür:

$$\sum_{\sigma_1,\sigma_2,\ldots,\sigma_p} \tanh(K\Psi_1)\Psi_1 = \Big[\ 1\Gamma\tanh(\Gamma K) - 1\Gamma\tanh(-\Gamma K) + \Gamma(\Gamma-2)\tanh\big((\Gamma-2)K\big) + \ldots\ldots\ \Big] \tag{B.3}$$

Bu ifade n'ler üzerinden bir toplam olarak yazılabilir:

$$\sum_{\sigma_1,\sigma_2,\ldots,\sigma_\Gamma} \tanh(K\Psi_1)\Psi_1 = 2\sum_{n=0}^{\Gamma/2}\binom{\Gamma}{n}(\Gamma-2n)\tanh\big((\Gamma-2n)K\big) \tag{B.4}$$

Böylece $a_1(K)$,

$$a_1(K) = \frac{1}{\Gamma 2^{\Gamma-1}}\sum_{n=0}^{\Gamma/2}\binom{\Gamma}{n}(\Gamma-2n)\tanh\big((\Gamma-2n)K\big) \tag{B.5}$$

olarak elde edilir.

EK C

$D_\lambda(s)$ FONKSİYONLARININ HESABI

Denklem (4.2.3.9)'dan yola çıkarak A matrisini elemanları $A_{ij} = (1+s)\delta_{i,j} - \gamma_\lambda\left(\delta_{i,j-1} + \delta_{i,j+1}\right)$, $i = 1,2,....,\lambda-1$ olan $(\lambda-1)\times(\lambda-1)$'lik bir matris olarak tanımlamış ve bu matrisin determinantını $D_{\lambda-1}(s)$ olarak isimlendirmiştik. Şimdi $D_n(s)$, $n = 1,2,...,\lambda$ fonksiyonlarının özelliklerini ve nasıl elde edilebileceklarini inceleyeceğiz.

Yukarıda verilmiş olan tanımdan $D_1(s) = (1+s)$, $D_2(s)$'nin de,

$$D_2(s) = \det\begin{pmatrix} (1+s) & -\gamma_\lambda \\ -\gamma_\lambda & (1+s) \end{pmatrix} = (1+s)^2 - (\gamma_\lambda)^2 \qquad \text{(C.1)}$$

olduğu görülmektedir. Benzeri şekilde $D_n(s)$'yi yazarsak,

$$D_n(s) = \det\begin{pmatrix} (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & 0 & . & . & . & 0 \\ -\gamma_\lambda & (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & & & & 0 \\ 0 & -\gamma_\lambda & (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & & & . \\ 0 & 0 & -\gamma_\lambda & . & . & 0 & & . \\ . & . & 0 & . & . & . & 0 & . \\ . & . & . & 0 & . & . & . & 0 \\ . & . & . & . & 0 & . & . & -\gamma_\lambda \\ 0 & 0 & . & . & . & 0 & -\gamma_\lambda & (1+s) \end{pmatrix} \qquad \text{(C.2)}$$

olur. Buradaki determinantı alınan matris $n\times n$'lik bir matristir. Şimdi bu determinantı hesaplamaya çalışalım. $D_n(s)$ dikkatlice yazıldığında,

$$D_n(s) = (1+s)D_{n-1}(s) + \gamma_\lambda \det \begin{pmatrix} -\gamma_\lambda & 0 & 0 & . & . & . & 0 \\ 0 & (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & . & . & 0 \\ 0 & -\gamma_\lambda & (1+s) & -\gamma_\lambda & 0 & . & . \\ . & 0 & -\gamma_\lambda & (1+s) & . & 0 & . \\ . & 0 & 0 & . & . & . & 0 \\ . & . & . & 0 & . & . & -\gamma_\lambda \\ 0 & 0 & . & . & 0 & -\gamma_\lambda & (1+s) \end{pmatrix}$$

(C.3)

haline geldiği görülür. Buradan da,

$$D_n(s) = (1+s)D_{n-1}(s) - (\gamma_\lambda)^2 D_{n-1}(s) \tag{C.4}$$

olarak elde edilir. Bu eşitlik $D_n(s)$ fonksiyonlarının bir tekrarlama bağıntısına sahip olduğunu göstermektedir. Bu tekrarlama bağıntısını çözdüğümüzde $D_n(s)$ fonksiyonunu elde etmiş oluruz. Bunu yapmak için, (C.4) ile verilmiş olan tekrarlama bağıntısını ve $D_{n-1}(s) = D_{n-1}(s)$ eşitliğini alt alta yazalım ve bunları bir matris işlemi olarak yeniden tanımlayalım.

$$\begin{aligned} D_n(s) &= aD_{n-1}(s) + bD_{n-2}(s) \\ D_{n-1}(s) &= D_{n-1}(s) \end{aligned} \tag{C.5}$$

Burada $a \equiv (1+s)$ ve $b \equiv -(\gamma_\lambda)^2$ olarak tanımlanmıştır. T ve $\overrightarrow{d_n}$,

$$T \equiv \begin{pmatrix} a & b \\ 1 & 0 \end{pmatrix} \quad , \quad \overrightarrow{d_n} \equiv \begin{pmatrix} D_n(s) \\ D_{n-1}(s) \end{pmatrix} \tag{C.6}$$

olmak üzere (C.5) yeniden düzenlendiğinde,

$$\overrightarrow{d_n} = T^{n-1}\overrightarrow{d_1} \tag{C.7}$$

olduğu olduğu görülmektedir. Bu eşitliğin sağ tarafında yer alan $\overrightarrow{d_1}$ 'in,

$$\overrightarrow{d_1} = \begin{pmatrix} D_1(s) \\ D_0(s) \end{pmatrix} \tag{C.8}$$

olduğuna ve $D_0(s)=1$, $D_1(s)=(1+s)$ olduğunun bilindiğine dikkatinizi çekmek isteriz. Geriye kalan ise T^{n-1}'i hesaplamaktır, bunu T matrisini köşegenleştirmek yoluyla yapacağız. Şimdi T^{n-1}'i yeniden şu şekilde yazalım:

$$T^{n-1} = S^{-1}\underbrace{\left(STS^{-1}\right)\left(STS^{-1}\right).....\left(STS^{-1}\right)\left(STS^{-1}\right)}_{n-1 \text{ tane terim}}S \tag{C.9}$$

Bu eşitlikteki S matrisi T'yi köşegenleştiren matris olup S^{-1} bu matrisin tersi olan martisi göstermektedir. Burada T matrisinin köşegenleştirilmiş halini,

$$\tilde{T} \equiv STS^{-1} \tag{C.10}$$

olarak olarak tanımlayalım. Böylece $\tilde{T}_{ij} = \lambda_i \delta_{ij}$, i=1,2 olmaktadır. Şimdi T^{n-1}'i (C.10)'da verilmiş olan benzerlik dönüşümünden yararlanarak T^{n-1},

$$T^{n-1} = S^{-1}\left(\tilde{T}\right)^{n-1}S = S^{-1}\begin{pmatrix} (\lambda_1)^{n-1} & 0 \\ 0 & (\lambda_2)^{n-1} \end{pmatrix}S \tag{C.11}$$

haline gelir. Şimdi (C.7) eşitliğine geri dönelim ve bu eşitliği λ_1, λ_2 ve S cinsinden yeniden yazalım. Bu durumda eşitlik,

$$\begin{pmatrix} D_n(s) \\ D_{n-1}(s) \end{pmatrix} = S^{-1}\begin{pmatrix} (\lambda_1)^{n-1} & 0 \\ 0 & (\lambda_2)^{n-1} \end{pmatrix}S\begin{pmatrix} D_1(s) \\ D_0(s) \end{pmatrix} \tag{C.12}$$

halini alır. λ_1 ve λ_2 T matrisinin özdeğerleridir, bunlar hesaplandığında,

$$\lambda_{1,2} = \frac{a \mp \sqrt{a^2+4b}}{2} = \frac{(1+s) \mp \sqrt{(1+s)^2 - 4(\gamma_\lambda)^2}}{2} \tag{C.13}$$

olarak elde edilir. Şimdi de S matrisini hesaplayacağız. Bunun için $\tilde{T}$'nın tanımından yararlanırsak,

$$\tilde{T}S = ST \tag{C.14}$$

eşitliğini elde ederiz. S matrisinin elemanlarını S_{ij} olarak tanımlarsak, (C.14) eşitliğinden $S_{11} = \frac{\lambda_1}{a}$, $S_{12} = 1$, $S_{21} = \frac{\lambda_2}{a}$ ve $S_{22} = 1$ olarak elde edilir. Buradan da $\det S = \frac{\lambda_1 - \lambda_2}{a}$ ve S^{-1},

$$S^{-1} = \frac{1}{\det S}\begin{pmatrix} 1 & -1 \\ -\frac{\lambda_2}{a} & \frac{\lambda_1}{a} \end{pmatrix} \tag{C.15}$$

olarak elde edilir. Şimdi (C.11) eşitliğinde yer alan T^{n-1}'i hesaplar ve bu eşitliği $D_n(s)$ için çözersek,

$$D_n(s) = \frac{(\lambda_1)^{n+1} - (\lambda_2)^{n+1}}{\lambda_1 - \lambda_2} \tag{C.16}$$

olarak elde edilir. λ_1 ve λ_2 'nin de s'nin bir fonksiyonu olduğunu ve (C.13) eşitiğiyle verilmiş olduğunu hatırlatırız.

ÖZGEÇMİŞ

1979 yılında İstanbul'da doğdu. Beylerbeyi Lisesi'nden 1996 yılında mezun olduktan sonra İstanbul Teknik Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Fizik Mühendisliği bölümüne girdi. Bir yıl İ. T. Ü. Dil-İnkılap Fakültesi'nde okuduğu İngilizce hazırlık sınıfından sonra başladığı lisans öğrenimini 2001 yılında tamamladı. Aynı yıl İ. T. Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Fizik Mühendisliği Programı Fizik Mühendisliği Anabilimdalı'nda yüksek lisans öğrenimine başladı. Kasım 2001'den itibaren İ. T. Ü. Fen-Edebiyat Fakültesi Fizik Bölümü'nde araştırma görevlisidir.