

Prof. Dr. TOLGA CAN

Kişisel Bilgiler

İş Telefonu: [+90 312 210 2080](tel:+903122102080) Dahili: 2080

Fax Telefonu: [+90 312 210 5544](tel:+903122105544)

E-posta: tcan@metu.edu.tr

Web: <http://user.ceng.metu.edu.tr/~tcan/>

Uluslararası Araştırmacı ID'leri

ScholarID: 5U97BEwAAAAJ

ORCID: 0000-0002-5532-0154

Publons / Web Of Science ResearcherID: D-1395-2010

ScopusID: 6602569668

Yoksis Araştırmacı ID: 30749

Biyografi

Tolga Can, 1998 yılında Orta Doğu Teknik Üniversitesi'nden Bilgisayar Mühendisliği lisans derecesini, 1998 yılında University of California, Santa Barbara'dan Bilgisayar Bilimi alanında doktora derecesini aldı. Halen Orta Doğu Teknik Üniversitesi Bilgisayar Mühendisliği bölümünde profesördür. Başlıca araştırma alanları arasında biyoenformatik ve algoritmalar yer almaktadır. Protein yapısı görselleştirme ve hizalaması ve büyük ölçekli protein-protein etkileşim ağlarının oluşturulması ve analizi üzerinde çalışmaları vardır.

Eğitim Bilgileri

Doktora, University of California, Santa Barbara, Bilgisayar Bilimleri, Amerika Birleşik Devletleri 2000 - 2004

Lisans, Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, Türkiye 1994 - 1998

Araştırma Alanları

Bilgisayar Bilimleri, Biyoenformatik, Mühendislik ve Teknoloji

Akademik Unvanlar / Görevler

Prof. Dr., Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, 2017 - Devam Ediyor

Doç. Dr., Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, 2011 - 2017

Yrd. Doç. Dr., Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, 2007 - 2011

Öğretim Görevlisi, Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, 2006 - 2007

Araştırma Görevlisi, University of California, Santa Barbara, College Of Engineering, Computer Science, 2000 - 2005

Akademik İdari Deneyim

Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, 2007 - 2010

Yönetilen Tezler

- CAN T., Construction and analysis of tissue/disease specific protein-protein interaction networks by integrating large scale transcriptome data with genome scale protein-protein interaction networks, Doktora, A.BURÇAK(Öğrenci), 2022
- CAN T., Şehirçi sürüş senaryoları için mini otonom araç mimarisi, Yüksek Lisans, G.Karabulut(Öğrenci), 2019
- CAN T., Alternatif poliadenilasyon olaylarının kümeleme ve öznitelik öğrenme yöntemleri ile genom ve doku çaplı analizi, Yüksek Lisans, P.Yılmaz(Öğrenci), 2019
- CAN T., TARI Z. S., Shape models based on elliptic pdes, associated energies, and their applications in 2d and 3d, Doktora, A.GENÇTAV(Öğrenci), 2018
- CAN T., Tools and techniques for assessing functional relevance of genomic loci, Doktora, B.OTLU(Öğrenci), 2017
- CAN T., A layout algorithm for visualization of graph alignments, Yüksek Lisans, A.AKARSU(Öğrenci), 2017
- CAN T., A multiplex primer design algorithm for target amplification of continuous genomic regions, Doktora, A.RAŞİT(Öğrenci), 2016
- CAN T., ERSON BENSAN A. E., Alternative polyadenylation dependent 3'-UTR changes in triple negative breast cancers, Doktora, T.TUNCER(Öğrenci), 2015
- CAN T., AYDIN SON Y., A multi-layered graphical model of the relation among SNPs, genes, and pathways based on subgraph search, Yüksek Lisans, G.ERSOY(Öğrenci), 2015
- CAN T., ÖZCENGİZ G., Pattern search in pathogenic bacterial proteins for localization and secretory systems, Doktora, O.ÖZCAN(Öğrenci), 2015
- CAN T., Determination of the effect of polyadenylation SLR values on microarray data classification, Yüksek Lisans, Ü.ASLAN(Öğrenci), 2014
- CAN T., Identification of interaction sites of G protein-coupled receptors using machine learning techniques, Doktora, M.EMRE(Öğrenci), 2014
- CAN T., A database query based solution for chemical compound and drug name recognition, Yüksek Lisans, Ç.ATA(Öğrenci), 2014
- CAN T., Integer linear programming based solutions for construction of biological networks, Doktora, Ö.EREN(Öğrenci), 2014
- CAN T., ŞENER C., Modeling of split step parabolic wave equation using the graphics processing unit, Yüksek Lisans, S.SEKME(Öğrenci), 2014
- CAN T., ŞENER C., GPU accelerated radio wave propagation modeling using ray tracing, Yüksek Lisans, A.ZUBAROĞLU(Öğrenci), 2014
- CAN T., Machine learning methods for using network based information in microRNA target prediction, Doktora, M.SUALP(Öğrenci), 2013
- CAN T., Prediction of polyadenylation sites by probe level analysis of microarray data, Yüksek Lisans, Y.İLGÜNER(Öğrenci), 2013
- CAN T., Analysis of 3'UTR shortening events in breast cancer, Yüksek Lisans, O.BALOĞLU(Öğrenci), 2013
- CAN T., AYDIN SON Y., A framework for gene co-expression network analysis of lung cancer, Yüksek Lisans, E.AKDEMİR(Öğrenci), 2013
- CAN T., Mining fungal effector candidates in biotrophic plant pathogens; rusts and mildews, Yüksek Lisans, S.UĞUR(Öğrenci), 2012
- CAN T., SINEC: Large scale signaling network topology reconstruction using protein-protein interactions and RNAi data, Yüksek Lisans, S.HASHEMİKHABİR(Öğrenci), 2012
- CAN T., Parallelization of functional flow to predict protein functions, Yüksek Lisans, E.AKKOYUN(Öğrenci), 2011
- CAN T., Machine learning methods for promoter region prediction, Yüksek Lisans, H.ARSLAN(Öğrenci), 2011
- CAN T., Reconstructing signaling pathways from RNAi data using genetic algorithms, Yüksek Lisans, E.SERDAR(Öğrenci), 2011
- CAN T., Identification of functionally orthologous protein groups in different species based on protein network alignment, Yüksek Lisans, Ö.NEBİL(Öğrenci), 2010
- CAN T., A distributed graph mining framework based on mapreduce, Yüksek Lisans, S.ALKAN(Öğrenci), 2010
- CAN T., A 3D topological tracking system for augmented reality, Yüksek Lisans, M.ERCAN(Öğrenci), 2010
- CAN T., A new approach for better load balancing of visibility detection and target acquisition calculations, Yüksek Lisans, A.YİĞİT(Öğrenci), 2010

- CAN T, A script based modular game engine framework for augmented reality applications, Yüksek Lisans, M.FURKAN(Öğrenci), 2009
- CAN T, Multi-resolution visualization of large scale protein networks enriched with gene ontology annotations, Yüksek Lisans, S.YAŞAR(Öğrenci), 2009
- CAN T, Prediction of protein-protein interactions from sequence using evolutionary relations of proteins and species, Yüksek Lisans, T.DOĞACAN(Öğrenci), 2009
- CAN T, Text classification in Turkish marketing domain and context-sensitive ad distribution, Yüksek Lisans, M.ENGİN(Öğrenci), 2009
- CAN T, Coevolution based prediction of protein-protein interactions with reduced training data, Yüksek Lisans, B.PAMUK(Öğrenci), 2009
- CAN T, ATALAY M. V., A classification system for the problem of protein subcellular localization, Yüksek Lisans, G.ALAY(Öğrenci), 2007

SCI, SSCI ve AHCI İndekslerine Giren Dergilerde Yayımlanan Makaleler

- I. **Differential expression of mRNA 3'-end isoforms in cervical and ovarian cancers**
Döken D. N., Özgül İ., Köksal Bıçakçı G., Gol K., Can T., Erson Bensen A. E.
Heliyon, cilt.9, sa.9, 2023 (SCI-Expanded)
- II. **Targeting HIF1-alpha/miR-326/ITGA5 axis potentiates chemotherapy response in triple-negative breast cancer**
Assidicky R., Tokat U. M., Tarman I. O., Saatci O., Ersan P. G., Raza U., Ogul H., Riazalhosseini Y., CAN T., Sahin O.
BREAST CANCER RESEARCH AND TREATMENT, cilt.193, sa.2, ss.331-348, 2022 (SCI-Expanded)
- III. **A C-term truncated EIF2B γ protein encoded by an intronically polyadenylated isoform introduces unfavorable EIF2B γ -EIF2 γ interactions.**
Circir A., Bicakci G. K., Savas B., Doken D. N., Henden O., Can T., Karaca E., Erson-Bensen A. E.
Proteins, cilt.90, sa.3, ss.889-897, 2022 (SCI-Expanded)
- IV. **Identification of an mRNA isoform switch for HNRNPA1 in breast cancers**
Erdem M., Ozgul İ., Dioken D. N., Gurcuoglu I., Guntekin Ergun S., Cetin-Atalay R., Can T., Erson-Bensen A. E.
Scientific Reports, cilt.11, sa.1, 2021 (SCI-Expanded)
- V. **MotifGenie: A Python Application for Searching Transcription Factor Binding Sequences Using ChIP-Seq Datasets.**
Oguztuzun C., Yasar P., Yavuz K., Muyan M., Can T.
Bioinformatics (Oxford, England), cilt.37, ss.4238-4239, 2021 (SCI-Expanded)
- VI. **A prelude to the proximity interaction mapping of CXXC5**
Ayaz G., Turan G., OLGUN Ç. E., Kars G., Karakaya B., Yavuz K., Demiralay O. D., CAN T., MUYAN M., Yasar P.
SCIENTIFIC REPORTS, cilt.11, sa.1, 2021 (SCI-Expanded)
- VII. **A CpG island promoter drives the CXXC5 gene expression**
Yasar P., Kars G., Yavuz K., Ayaz G., Oguztuzun C., Bilgen E., Suvaci Z., Cetinkol Ö., CAN T., MUYAN M.
SCIENTIFIC REPORTS, cilt.11, sa.1, 2021 (SCI-Expanded)
- VIII. **JOA: Joint Overlap Analysis of multiple genomic interval sets**
Otlu B., Can T.
BMC BIOINFORMATICS, cilt.20, 2019 (SCI-Expanded)
- IX. **Alternative Polyadenylation Patterns for Novel Gene Discovery and Classification in Cancer**
BEGIK O., ÖYKEN M., ALICAN T. C., CAN T., Erson-Bensen A. E.
NEOPLASIA, cilt.19, sa.7, ss.574-582, 2017 (SCI-Expanded)
- X. **A multiplex primer design algorithm for target amplification of continuous genomic regions**
OZTURK A. R., CAN T.
BMC BIOINFORMATICS, cilt.18, 2017 (SCI-Expanded)
- XI. **Comparison of tissue/disease specific integrated networks using directed graphlet signatures**
Sonmez A. B., Can T.

- BMC BIOINFORMATICS, cilt.18, 2017 (SCI-Expanded)
- XII. **SUMONA: A supervised method for optimizing network alignment**
TUNCAY E. G., Can T.
COMPUTATIONAL BIOLOGY AND CHEMISTRY, cilt.63, ss.41-51, 2016 (SCI-Expanded)
- XIII. **Alternative Polyadenylation: Another Foe in Cancer**
Erson-Bensan A. E., CAN T.
MOLECULAR CANCER RESEARCH, cilt.14, sa.6, ss.507-517, 2016 (SCI-Expanded)
- XIV. **3' UTR shortening and EGF signaling: implications for breast cancer**
AKMAN H. B., ÖYKEN M., TUNCER T., CAN T., Erson-Bensan A. E.
HUMAN MOLECULAR GENETICS, cilt.24, sa.24, ss.6910-6920, 2015 (SCI-Expanded)
- XV. **Reconstruction of the temporal signaling network in Salmonella-infected human cells**
Budak G., Ozsoy O. E., Son Y., Can T., Tunçbağ N.
FRONTIERS IN MICROBIOLOGY, cilt.6, 2015 (SCI-Expanded)
- XVI. **The ChEMDNER corpus of chemicals and drugs and its annotation principles**
Krallinger M., Rabal O., Leitner F., Vazquez M., Salgado D., Lu Z., Leaman R., Lu Y., Ji D., Lowe D. M., et al.
JOURNAL OF CHEMINFORMATICS, cilt.7, 2015 (SCI-Expanded)
- XVII. **Div-BLAST: Diversification of Sequence Search Results**
Eser E., CAN T., Ferhatosmanoglu H.
PLOS ONE, cilt.9, sa.12, 2014 (SCI-Expanded)
- XVIII. **GPCRsort-Responding to the Next Generation Sequencing Data Challenge: Prediction of G Protein-Coupled Receptor Classes Using Only Structural Region Lengths**
Sahin M. E., Can T., Son Ç. D.
OMICS-A JOURNAL OF INTEGRATIVE BIOLOGY, cilt.18, ss.636-644, 2014 (SCI-Expanded)
- XIX. **Identification of Novel Reference Genes Based on MeSH Categories**
Ersahin T., ÇARKACIOĞLU L., CAN T., Konu O., Atalay V., Cetin-Atalay R.
PLOS ONE, cilt.9, sa.3, 2014 (SCI-Expanded)
- XX. **A Divide and Conquer Approach for Construction of Large-Scale Signaling Networks from PPI and RNAi Data Using Linear Programming**
Ozsoy O. E., Can T.
IEEE-ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS, cilt.10, ss.869-883, 2013 (SCI-Expanded)
- XXI. **Estrogen-induced upregulation and 3'-UTR shortening of CDC6**
AKMAN B. H., CAN T., Erson-Bensan A. E.
NUCLEIC ACIDS RESEARCH, cilt.40, sa.21, ss.10679-10688, 2012 (SCI-Expanded)
- XXII. **Large-Scale Signaling Network Reconstruction**
Hashemikhabir S., Ayaz E. S., Kavurucu Y., Can T., Kahveci T.
IEEE-ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS, cilt.9, ss.1696-1708, 2012 (SCI-Expanded)
- XXIII. **Using network context as a filter for miRNA target prediction**
Sualp M., Can T.
BIOSYSTEMS, cilt.105, ss.201-209, 2011 (SCI-Expanded)
- XXIV. **METADATA MANAGEMENT AND SEMANTICS IN MICROARRAY REPOSITORIES**
Kocabas F., CAN T., BAYKAL N.
BALKAN JOURNAL OF MEDICAL GENETICS, cilt.14, sa.2, ss.49-63, 2011 (SCI-Expanded)
- XXV. **Bi-k-bi clustering: mining large scale gene expression data using two-level biclustering**
Carkacioglu L., Atalay R. C., KONU KARAKAYALI Ö., Atalay V., CAN T.
INTERNATIONAL JOURNAL OF DATA MINING AND BIOINFORMATICS, cilt.4, sa.6, ss.701-721, 2010 (SCI-Expanded)
- XXVI. **RRW: repeated random walks on genome-scale protein networks for local cluster discovery**
MACROPOL K., Can T., Singh A. K.
BMC BIOINFORMATICS, cilt.10, 2009 (SCI-Expanded)
- XXVII. **Integration of topological measures for eliminating non-specific interactions in protein interaction**

networks

BAYIR M. A., GUNAY T. D., Can T.

DISCRETE APPLIED MATHEMATICS, cilt.157, sa.10, ss.2416-2424, 2009 (SCI-Expanded)

XXVIII. Discovering functional interaction patterns in protein-protein interaction networks

Turanalp M. E., Can T.

BMC BIOINFORMATICS, cilt.9, 2008 (SCI-Expanded)

XXIX. Efficient molecular surface generation using level-set methods

Can T., Chen C., Wang Y.

JOURNAL OF MOLECULAR GRAPHICS & MODELLING, cilt.25, sa.4, ss.442-454, 2006 (SCI-Expanded)

XXX. Integrating multi-attribute similarity networks for robust representation of the protein space

Camoglu O., Can T., Singh A. K.

BIOINFORMATICS, cilt.22, sa.13, ss.1585-1592, 2006 (SCI-Expanded)

Diğer Dergilerde Yayınlanan Makaleler

I. Informatics Olympiads in Turkey Team Selection and Training

CAN T., SIĞIRCI İ. O., ABUL O., DEMİRCİ M. F.

OLYMPIADS IN INFORMATICS, cilt.9, ss.225-232, 2015 (Hakemli Dergi)

Kitap & Kitap Bölümleri

I. Introduction to Bioinformatics

CAN T.

miRNomics MicroRNA Biology and Computational Analysis, Yousef Malik, Allmer Jens, Editör, Springer Protocols, ss.51-71, 2013

Hakemli Kongre / Sempozyum Bildiri Kitaplarında Yer Alan Yayınlar

I. Transcription Elongation in Connection to 3'UTR Ends

ÖZGÜL İ., CAN T., ERSON BENSAN A. E.

Moleküler Biyoloji Kongresi MolBiyokON18, İzmir, Türkiye, 5 - 08 Eylül 2018, ss.20

II. Deregulated APA and cancer specific APA isoforms

Begik O., Ercan M., Cingoz H., CAN T., ÖYKEN M., Erson-Bensan A. E.

Annual Meeting of the American-Association-for-Cancer-Research (AACR), Illinois, Amerika Birleşik Devletleri, 14 - 18 Nisan 2018, cilt.78

III. Alternative Polyadenylation patterns for cancer classification

BEGİK O., ÖYKEN M., ÇINKILLI t., CAN T., ERSON BENSAN A. E.

HIBIT 2017, 28 - 30 Haziran 2017

IV. Alternative Polyadenylation patterns for novel gene discovery and classification in cancer

BEĞİK O., ÖYKEN M., CAN T., ERSON BENSAN A. E.

Annual Meeting of the RNA Society, 30 Mayıs - 03 Haziran 2017

V. APA isoform diversity in triple negative breast cancers

AKMAN TUNCER H. B., ÖYKEN M., AĞUŞ H. H., ERDEM M., YAVUZ E., CAN T., ERSON BENSAN A. E.

AACR Annual Meeting, USA, Washington, Amerika Birleşik Devletleri, 1 - 05 Nisan 2017, cilt.77, ss.3374

VI. Identification of a potential cancer related lncRNA

BEĞİK O., cinkilli t., ÖYKEN M., CAN T., ERSON BENSAN A. E.

Functional Genomics to Systems Biology-EMBO, 12 - 15 Kasım 2016

VII. Comparison of tissue disease specific integrated networks using directed graphlet signatures

SÖNMEZ A. B., CAN T.

Proceedings of the 7th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics - BCB '16, Seattle, WA, USA, Amerika Birleşik Devletleri, 2 - 05 Ekim 2016

- VIII. **3 UTR Length Changes In Connection With Estrogen Receptor Alpha In Breast Cancer**
ÖYKEN M., CAN T., ERSON BENSAN A. E.
FEBS 2016, KUSADASI, Türkiye, 3 - 08 Eylül 2016
- IX. **3 ' UTR lengths change in connection with estrogen receptor-alpha in breast cancer**
ÖYKEN M., CAN T., Erson-Bensan A. E.
41st FEBS Congress on Molecular and Systems Biology for a Better Life, Kusadasi, Türkiye, 3 - 08 Eylül 2016, cilt.283, ss.207
- X. **Unsupervised identification of redundant domain entries in InterPro database using clustering techniques**
RİFAİOĞLU A. S., DOĞAN T., CAN T.
6th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics, BCB 2015, Georgia, Amerika Birleşik Devletleri, 9 - 12 Eylül 2015, ss.505-506
- XI. **Reconstruction of the Temporal Signaling Network in Salmonella Infected Human Cells**
güngör b., EREN ÖZSOY Ö., AYDIN SON Y., CAN T., nurcan t.
23rd Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology and the 14th European Conference on Computational Biology (ISMBECCB'2015), Dublin, İrlanda, 10 - 14 Temmuz 2015
- XII. **Dbchem A database query based solution for the chemical compound and drug name recognition task**
ATA Ç., CAN T.
Proceedings of the Fourth BioCreative Challenge Evaluation Workshop, BioCreative IV,, 1 - 03 Ekim 2013, cilt.2, ss.42-46
- XIII. **M4B: A novel method for designing and ordering of the genetic devices**
Hashemikhabir S., Ersoy G., Oguz G., Yaldiz B., Tuncel Y., Budak G., Karaaslan S., AYDIN SON Y., CAN T.
2012 7th International Symposium on Health Informatics and Bioinformatics, HIBIT 2012, Cappadocia, Türkiye, 19 - 22 Nisan 2012, ss.123-127
- XIV. **Parallel SPICi**
Hashemikhabir S., CAN T.
6th International Symposium on Health Informatics and Bioinformatics (HIBIT), İzmir, Türkiye, 2 - 05 Mayıs 2011, ss.86-90
- XV. **CONSTRUCTING SIGNALING PATHWAYS FROM RNAI DATA USING GENETIC ALGORITHMS**
Ayaz E. S., CAN T.
6th International Symposium on Health Informatics and Bioinformatics (HIBIT), İzmir, Türkiye, 2 - 05 Mayıs 2011, ss.95-98
- XVI. **The effect of representative training dataset selection on the classification performance of the promoter sequences**
YAMAN A. G., CAN T.
6th International Symposium on Health Informatics and Bioinformatics, HIBIT 2011, İzmir, Türkiye, 2 - 05 Mayıs 2011, ss.55-58
- XVII. **Coevolution based prediction of protein-protein interactions with reduced training data**
Pamuk B., CAN T.
2010 5th International Symposium on Health Informatics and Bioinformatics, HIBIT 2010, Antalya, Türkiye, 20 - 22 Nisan 2010, ss.187-193
- XVIII. **Text Classification in the Turkish Marketing Domain for Context Sensitive Ad Distribution**
Engin M., Can T.
24th International Symposium on Computer and Information Sciences, Güzelyurt, Kıbrıs (Kktc), 14 - 16 Eylül 2009, ss.105-110
- XIX. **Human Skeletal and Muscle Deformation Animation Using Motion Capture Data**
Bayer A. O., Sevinc A. M., CAN T.

16th International Conference in Central Europe on Computer Graphics, Visualization and Computer Vision, Plzen, Çek Cumhuriyeti, 4 - 07 Şubat 2008, ss.167-168

XX. Analysis of protein-protein interaction networks using random walks

Can T., Orhan Ç., Singh A. K.

5th International Workshop on Bioinformatics, BIODDD 2005 - In Conjunction with 11th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, KDD 2005, Chicago, IL, Amerika Birleşik Devletleri, 21 Ağustos 2005, ss.61-68

XXI. CTSS: A robust and efficient method for protein structure alignment based on local geometrical and biological features

Can T., WANG Y.

2nd International Computational Systems Bioinformatics Conference, California, Amerika Birleşik Devletleri, 11 - 14 Ağustos 2003, ss.169-179

Desteklenen Projeler

MUYAN M., DEMİRALAY Ö. D., CAN T., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, Genom Düzeyindeki Protein Bağlanma Verilerinin Biyoinformatik ve Deneysel Yöntemlerle Analizi, 2021 - 2022

ERSON BENSAN A. E., GÜLEZ B., BANERJEE S., ÖZKAN S., CAN T., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, Yaygın kanser tiplerinde transkriptom 3'UTR isoform çeşitliliğinin incelenmesi, 2017 - 2019

CAN T., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, G-Proteini Kenetli Reseptörlerin Etkileşimleri:hesaplamalı Yöntemlerin Ve Deneysel Çalışmaların Sentezlenmesi, 2010 - 2019

SON Ç. D., ÇELEBİ M., CAN T., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, G-proteine kenetli reseptörlerin etkileşim bölgelerinin işlemsel olarak 3D modellenmesi, 2017 - 2017

MUYAN M., ERSON BENSAN A. E., CAN T., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, Meme Kanseri Model Hücrelerinde Tüm Genom Düzeyinde RNA Ekspresyon Analizleri, 2015 - 2016

ERSON BENSAN A. E., ozdemir n., CAN T., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, CDC6 alternatif poliadenilasyonunun meme kanseri hücrelerinde incelenmesi, 2013 - 2015

Patent

CAN T., APADetect: Alternatif Poliadenilasyon Tespiti, Patent, BÖLÜM G Fizik, Standart Tescil, 2016

Metrikler

Yayın: 53

Atıf (WoS): 653

Atıf (Scopus): 694

H-İndeks (WoS): 12

H-İndeks (Scopus): 14

Akademi Dışı Deneyim

METU

METU

University of California, Santa Barbara

University of California, Santa Barbara

METU