

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI
BIYOİSTATİSTİK
KONGRESİ

25th National & 8th International
Biostatistics Congress

BİLDİRİ KİTABI
BOOK OF ABSTRACTS

18-20 Kasım/November 2024

Elit World Hotel Sapanca Convention & Wellness Resort
Sapanca, Sakarya, TÜRKİYE

www.biyostatistikkongresi.net



25. ULUSAL
ve
8. ULUSLARARASI
BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ

BİLDİRİ KİTABI

Editör

Prof. Dr. Ünal ERKORKMAZ

Yardımcı Editörler

Prof. Dr. Erdem KARABULUT

Doç. Dr. Dinçer GÖKSÜLÜK

Dr. Öğr. Üyesi Merve Başol GÖKSÜLÜK

18 – 20 Kasım 2024

Sakarya

Değerli Akademisyenler,

Kıymetli Meslektaşlarım,

Biyoistatistik Derneği ve Sakarya Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı olarak **18-20 Kasım 2024** tarihleri arasında, nehirleri, denizi, gölleri, dağları, ormanları ve tarihi güzellikleri ile, güzel vatanımızın gözbebeği, adını kurtuluş destanımızın en önemli unsurlarından olan Sakarya Meydan Muharebesinin de aldığı Sakarya nehrinden alan, Sakarya’da düzenleyeceğimiz **25. Ulusal ve 8. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi’**ne sizleri davet etmekten onur duyuyorum.

Bilimsel kongrelerdeki en büyük kazanım, Namık Kemal’in “Bârîka-i hakîkat müsâdeme-i efkârdan doğar” sözü ile vurguladığı gibi, bilimsel çalışmaların meslektaşlarla paylaşması sonucu “bilgi” yolunun aydınlanmasıdır. Siz değerli meslektaşlarımı, bilimsel araştırmalardan elde ettiğiniz değerli bilgilerinizi, deneyimlerinizi, fikirlerinizi, camiamız paydaşlarıyla değerlendirmek adına bir araya gelerek kongremizde görmek düzenleme kurulu üyeleri olarak bizleri memnun edecektir.

Akademik yapılanmamızın başladığı 1983 yılından bugüne camiamız mensuplarının sayısı da niteliği de ciddi şekilde artış göstermiştir. Bu artışa yakışır şekilde bilimsel yönden zengin ve güncel çalışmaların paylaşıldığı, başarılı bir kongre geçirebilmek adına anabilim dalı başkanından yüksek lisans öğrencisine kadar tüm meslektaşlarımın kongremize desteğini bekliyorum.

Saygılarımla,



Prof. Dr. Ünal ERKORKMAZ
Kongre Başkanı

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

KURULLAR

Kongre Onursal Başkanı	
Prof. Dr. Kadir SÜMBÜLOĞLU	Hacettepe Üniversitesi Biyoistatistik Anabilim Dalı Emekli Öğretim Üyesi / Biyoistatistik Derneği Onursal Başkanı
Prof. Dr. Hamza AL	Sakarya Üniversitesi Rektörü

Kongre Başkanı	
Prof. Dr. Ünal ERKORKMAZ	Sakarya Üniversitesi

Onur Kurulu	
Prof. Dr. C. Reha ALPAR	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Ergun KARAAĞAOĞLU	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Ersin ÖĞÜŞ	Başkent Üniversitesi
Prof. Dr. Ersöz TÜCCAR	Ankara Üniversitesi
Prof. Dr. Hafize SEZER	Sivas Cumhuriyet Üniversitesi
Prof. Dr. İsmet KAN	Uludağ Üniversitesi
Prof. Dr. Kadir SÜMBÜLOĞLU	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Kazım ÖZDAMAR	Eskişehir Osmangazi Üniversitesi
Prof. Dr. Osma SARAÇBAŞI	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Ömer SATICI	Dicle Üniversitesi
Prof. Dr. Refik BURGUT	Çukurova Üniversitesi
Prof. Dr. Rian DİŞÇİ	İstanbul Üniversitesi
Prof. Dr. Saim YOLOĞLU	İnönü Üniversitesi
Prof. Dr. Vildan SÜMBÜLOĞLU	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Yusuf ÇELİK	Dicle Üniversitesi
Prof. Dr. Z. Nazan ALPARSLAN	Çukurova Üniversitesi

Düzenleme Kurulu	
Prof. Dr. Erdem KARABULUT	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Cengiz BAL	Eskişehir Osmangazi Üniversitesi
Prof. Dr. Seval KUL	Gaziantep Üniversitesi
Prof. Dr. Asif HANIF	Sakarya Üniversitesi
Doç. Dr. İlker ÜNAL	Çukurova Üniversitesi
Doç. Dr. Can ATEŞ	Aksaray Üniversitesi
Doç. Dr. Mehmet Ali SUNGUR	Düzce Üniversitesi
Doç. Dr. Dinçer GÖKSÜLÜK	Erciyes Üniversitesi
Dr. Öğr. Üyesi Merve Başol GÖKSÜLÜK	Sakarya Üniversitesi
Orhun ÖZTÜRK	Erciyes Üniversitesi

Bilimsel Sekreteryası	
Doç. Dr. Dinçer GÖKSÜLÜK	Erciyes Üniversitesi
Dr. Öğr. Üyesi Merve Başol GÖKSÜLÜK	Sakarya Üniversitesi

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

BİLİMSEL DANIŞMA KURULU

Prof. Dr. A. Ergun KARAAĞAOĞLU	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Ahmet ÖZTÜRK	Erciyes Üniversitesi
Prof. Dr. Ahmet DİRİCAN	İstanbul Üniversitesi
Prof. Dr. Alan TENNANT	University of Lucerne, Switzerland
Prof. Dr. Asif HANIF	Sakarya Üniversitesi
Prof. Dr. Atilla Halil ELHAN	Ankara Üniversitesi
Prof. Dr. Ayşe Canan Yazıcı GÜVERCİN	Bakırçay Üniversitesi
Prof. Dr. Bahar TAŞDELEN	Mersin Üniversitesi
Prof. Dr. Beyza ŞAHİN	Pamukkale Üniversitesi
Prof. Dr. Canan BAYDEMİR	Kocaeli Üniversitesi
Prof. Dr. Cemil ÇOLAK	İnönü Üniversitesi
Prof. Dr. Cengiz BAL	Eskişehir Osmangazi Üniversitesi
Prof. Dr. Deniz SİĞİRLİ	Uludağ Üniversitesi
Prof. Dr. Erdem KARABULUT	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Ertuğrul ÇOLAK	Eskişehir Osmangazi Üniversitesi
Prof. Dr. Ferhan ELMALI	İzmir Katip Çelebi Üniversitesi
Prof. Dr. Fezan Şahin MUTLU	Eskişehir Osmangazi Üniversitesi
Prof. Dr. Gülşah SEYDAOĞLU	Çukurova Üniversitesi
Prof. Dr. Gökmen ZARARSIZ	Erciyes Üniversitesi
Prof. Dr. Gülhan TEMEL	Mersin Üniversitesi
Prof. Dr. Gülnaz Nural BEKİROĞLU	Marmara Üniversitesi
Prof. Dr. Gülşah ŞEYDAOĞLU	Çukurova Üniversitesi
Prof. Dr. Güven ÖZKAYA	Uludağ Üniversitesi
Prof. Dr. Handan ANKARALI	Medeniyet Üniversitesi
Prof. Dr. Harika Gözükara BAĞ	İnönü Üniversitesi
Prof. Dr. İlker ETİKAN	Yakındoğu Üniversitesi, KKTC
Prof. Dr. İmran Kurt ÖMÜRLÜ	Adnan Menderes Üniversitesi
Prof. Dr. İsmet DOĞAN	Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi
Prof. Dr. Jale KARAKAYA	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Mehmet N. ORMAN	Ege Üniversitesi
Prof. Dr. Mehtap Akçil OK	Başkent Üniversitesi
Prof. Dr. Melody GHAHRAMANI	Winnipeg Üniversitesi, Canada
Prof. Dr. Meriç Yavuz ÇOLAK	Başkent Üniversitesi
Prof. Dr. Mevlüt TÜRE	Adnan Menderes Üniversitesi
Prof. Dr. M. Agah TEKİNDAL	Katip Çelebi Üniversitesi

Prof. Dr. Necdet SÜT	Trakya Üniversitesi
Prof. Dr. Nurhan DOĞAN	Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi
Prof. Dr. Peter W. ROSE	University of California, USA
Prof. Dr. Pınar ÖZDEMİR	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Penbe ÇAĞATAY	İstanbul Arel Üniversitesi
Prof. Dr. Recai YÜCEL	Temple University, USA
Prof. Dr. Sanjib BASU	University of Illinois, USA
Prof. Dr. Selcen YÜKSEL	Yıldırım Beyazıt Üniversitesi
Prof. Dr. Semra ERDOĞAN	Mersin Üniversitesi
Prof. Dr. Serdal Kenan KÖSE	Ankara Üniversitesi
Prof. Dr. Setenay Kevser Dinçer ÖNER	Eskişehir Osmangazi Üniversitesi
Prof. Dr. Seval KUL	Gaziantep Üniversitesi
Prof. Dr. Sıddık KESKİN	Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi
Prof. Dr. Sinan SARAÇLI	Balıkesir Üniversitesi
Prof. Dr. Şengül CANGÜR	Düzce Üniversitesi
Prof. Dr. Ünal ERKORKMAZ	Sakarya Üniversitesi
Prof. Dr. Yasemin YAVUZ	Ankara Üniversitesi
Prof. Dr. Yavuz SANİSOĞLU	Yıldırım Beyazıt Üniversitesi
Prof. Dr. Zeki AKKUŞ	Dicle Üniversitesi
Doç. Dr. Adem DOĞANER	Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi
Doç. Dr. Alex R. de LEON	University of Calgary, Canada
Doç. Dr. Arzu BAYGÜL	Koç Üniversitesi
Doç. Dr. Beyza DOĞANAY	Ankara Üniversitesi
Doç. Dr. Can ATEŞ	Aksaray Üniversitesi
Doç. Dr. Derya GÖKMEN	Ankara Üniversitesi
Doç. Dr. Didem Derici YILDIRIM	Mersin Üniversitesi
Doç. Dr. Dinçer GÖKSÜLÜK	Erciyes Üniversitesi
Doç. Dr. Duchwan RYU	Northen Illinois University, USA
Doç. Dr. Emek GÜLDOĞAN	İnönü Üniversitesi
Doç. Dr. Emre DEMİR	Hitit Üniversitesi
Doç. Dr. Emre DİRİCAN	Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi
Doç. Dr. Erdal COŞGUN	Microsoft Genetics, USA
Doç. Dr. Feyza İNCEOĞLU	Turgut Özal Üniversitesi
Doç. Dr. Gözde E. ZARARSIZ	Erciyes Üniversitesi
Doç. Dr. Hayriye VEHİD	Demiroğlu Bilim Üniversitesi
Doç. Dr. İlkay DOĞAN	Gaziantep Üniversitesi
Doç. Dr. İlker ÜNAL	Çukurova Üniversitesi
Doç. Dr. Lemar TOMAK	Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Doç. Dr. Lynn SLEEPER	Harvard Medical School, USA
Doç. Dr. Mehmet KARADAĞ	Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi
Doç. Dr. Mehmet GÜNVER	İstanbul Üniversitesi

Doç. Dr. M. Ali SUNGUR	Düzce Üniversitesi
Doç. Dr. Mehmet Onur KAYA	Fırat Üniversitesi
Doç. Dr. Naime Meriç KONAR	Onyedi Eylül Üniversitesi
Doç. Dr. Osman DAĞ	Hacettepe Üniversitesi
Doç. Dr. Özge PASİN	Bezmialem Vakıf Üniversitesi
Doç. Dr. Pınar GÜNEL	Sanko Üniversitesi
Doç. Dr. Sadi ELASAN	Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi
Doç. Dr. Selçuk KORKMAZ	Trakya Üniversitesi
Doç. Dr. Sibel BALCI	Kocaeli Üniversitesi
Doç. Dr. Timur KÖSE	Ege Üniversitesi
Doç. Dr. Umut ÖZBEK	Icahn School of Medicine, Mount Sinai, USA
Doç. Dr. Yaşar SERTDEMİR	Çukurova Üniversitesi
Dr. Bern KLAUS	European Mol. Bio. Lab., Germany
Dr. Öğr. Üyesi Tahira ASHRAF	Lahore Üniversitesi, Pakistan

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

KURSLAR

➤ **Uygulamalı Temel Biyoistatistik Kursu**

Eğitimciler: Doç. Dr. Mehmet Ali SUNGUR, Doç. Dr. Dinçer GÖKSÜLÜK

Yer: Sakarya Üniversitesi

Tarihi: 17.11.2024 / Saat 09:00 – 17:30

Kongre öncesinde **Biyoistatistik Derneği** tarafından Sakarya Üniversitesi ev sahipliğinde **Uygulamalı Temel Biyoistatistik Kursu** verilmiştir. Kurs kapsamında katılımcıların

- Verilerin girişi, analiz için gerekli ön işlemlerin yapılması,
- Sağlık bilimlerinde bilimsel çalışma düzenleri ve çalışma planlama,
- Güç analizi ve örneklem hacmi,
- Biyoistatistikte temel kavramlar,
- Çapraz tablolar, ki-kare analizleri ve risk ölçüleri,
- Normal dağılım, korelasyon ve regresyon,
- Hipotez testleri

konularında temel düzeyde bilgi sahibi olmaları amaçlanmıştır. Kurs 9 katılımcı ile başarılı bir şekilde gerçekleştirilmiştir.

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

AÇILIŞ SEREMONİSİ

25. Ulusal ve 8. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi 18-20 Kasım 2024 - Elite World Hotel Sapanca, Sakarya - TÜRKİYE			
Kongre Programı AÇILIŞ SEREMONİSİ			
1. Gün (18 Kasım / 18 November) - SAÜ Turgut Özal Kültür Merkezi			
Saat/Hour		Sunum Başlığı/Presentation Title	
Tüm Gün		Kongre Kayıtları (Elite World Hotel)	
12:30	14:00	ÖĞLE YEMEĞİ (LUNCH)	
Oturum Başkanları: Prof. Dr. Erdem KARABULUT, Doç. Dr. Dinçer GÖKSÜLÜK			
	16:00	19:00	Açılış Konuşmaları
			Müzik Dinletisi
			ÇAY - KAHVE ARASI (COFFEE BREAK)
			Açılış Konferansı (Opening Conference) A novel Generative AI classification and detection of breast cancer using sparse deep learning neural network autoencoders with information complexity Prof. Dr. Hamparsum BOZDOĞAN Department of Business Analytics and Statistics The University of Tennessee, Knoxville, USA
			Davetli Konuşmacı (Keynote Speaker) Role of artificial intelligence in scientific research writing: Revolutionizing the publishing landscape Prof. Dr. Asif HANİF Biyoistatistik Anabilim Dalı, Tıp Fakültesi Sakarya Üniversitesi, TÜRKİYE

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

AÇILIŞ KONFERANSI (OPENING CONFERENCE)

**A NOVEL GENERATIVE AI CLASSIFICATION AND DETECTION OF BREAST CANCER USING SPARSE
DEEP LEARNING NEURAL NETWORK AUTOENCODERS WITH INFORMATION COMPLEXITY**

Prof. Hamparsum BOZDOGAN, PH.D.
McKenzie Professor

Department of Business Analytics and Statistics
The University of Tennessee
Knoxville, TN 37996 U.S.A.

ABSTRACT

Breast cancer is the second-leading cause of death among women worldwide, killing half a million women every year. Radiologists still miss up to 30 percent of breast lesions in mammograms. What can statistical modeling and data mining do?

In this talk, we present and demonstrate how a novel Generative AI models can enhance the classification and detection of breast cancer by effectively distinguishing between benign and malignant tissues. By training on a real $n = 1,269$ Italian patients' mammographic images with $p = 132$ continuous features or dimensions from Computer-Aided Detection (CAD) system of breast tumors.

We introduce and integrate Information Complexity (ICOMP) as a criterion for selecting optimal number of layers and the hidden units in the context of Sparse Deep Learning Neural Network Autoencoders (SDLNN-AE) model. We show the improvements in performance metrics, leading to more reliable and interpretable diagnostic tools in breast cancer detection.

We believe, using these advanced statistical models ultimately contribute to personalized medicine, early intervention strategies, and better patient outcomes to improve diagnostic accuracy and assist clinicians in early detection efforts.

KEYWORDS: Generative AI, Breast Cancer Detection; Deep Learning Neural Networks, Sparse Autoencoders; Information Complexity; Dimension reduction, and Unsupervised Classification

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

DAVETLİ KONUŞMACI (KEYNOTE SPEAKER)

ROLE OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE IN SCIENTIFIC RESEARCH WRITING: REVOLUTIONIZING THE PUBLISHING LANDSCAPE

Prof. Asif HANIF (Ph.D., MS, MSc)

Prof. of Biostatistics, Department of Biostatistics, Faculty of medicine, Sakarya University, Sakarya-Türkiye & Certified trainer in Scientific writing using AI tools

Email: asifhanif@sakarya.edu.tr

ABSTRACT

The incorporation of Artificial Intelligence (AI) in the literature search procedures is transforming traditional practices by addressing integral challenges such as limited reporting, time taking, and subjective biases. AI influences advanced systems, Natural Language Processing (NLP) and algorithms to enhance the precision, accuracy and efficiency. AI-driven tools can automatically do the process of literature review by scanning huge databases to identify relevant abstracts, articles thereby saving significant time and effort for researchers in no time.

These tools also expand search accuracies through semantic understanding of queries by facilitating the retrieval of more targeted results. Additionally, by examining the links between ideas across several terminologies, AI facilitates semantic search and conceptual mapping, revealing previously undiscovered connections and insights. Personalized recommendation systems improve the caliber of research by recommending works that are consistent with user preferences and historical actions. Additionally, AI supports text summarization, trend analysis, subject modeling, and cross-disciplinary exploration, allowing academics to swiftly understand important discoveries and spot new ideas and possible partnerships.

Adopting AI in literature searches, however, requires taking ethical considerations into account, such as minimizing prejudice, protecting privacy, and upholding responsibility and transparency. These advancements demonstrate how AI is revolutionizing the authoring of scientific research and the publishing industry as a whole.

KEYWORDS: Artificial Intelligence, Natural Language Processing, literature search, search engine, literature search, research ethics.

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

BİLİMSEL PROGRAM

	18 Kasım		19 Kasım	20 Kasım
09:00 - 10:30			Sunumlar	Sunumlar
10:30 - 11:00	Kayıtlar (Otel)		Çay/Kahve Arası	Çay/Kahve Arası
11:00 - 12:30			Sunumlar	Kapanış Biyostatistik Derneği Toplantısı
12:30 - 14:00		Öğle Yemeği	Öğle Yemeği	Sosyal Etkinlik (Şehir Turu)
14:00 - 15:30			Sunumlar	
15:30 - 16:00			Çay/Kahve Arası	
16:00 - ...		Açılış Seremonisi (SAÜ Kongre Merkezi)	Sunumlar	

25. Ulusal ve 8. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi
18-20 Kasım 2024 - Elite World Hotel Sapanca, Sakarya - TÜRKİYE

Kongre Programı (Bilimsel Program)

2. Gün / Day 2 (19 Kasım / 19 November): Ana Salon / Main Hall -- Ocaliptus

	Saat/Hour	Sunum Başlığı/Presentation Title	
Oturum Başkanları: Prof. Dr. Atilla Halil ELHAN, Prof. Dr. Asif HANIF, Assist. Prof. Dr. Tahira ASHRAF			
I. Oturum İstatistiksel Modelleme Biyoinformatik İlaç Çalışmaları Session I Statistical Modeling Bioinformatics Drug Studies	9:00	9:15	Similarities And Differences of Bone Marrow and Peripheral Blood Samples from Acute Myeloid Leukemia Patients In Terms of Cellular Heterogeneity And Ex-Vivo Drug Sensitivity Gulser Caliskan, Yudi Pawitan, Trung Nghia Vu
	9:15	9:30	Can Low-level Prenatal Alcohol Consumption in Pregnancy Harm the Baby? Tugba Akkaya Hocagil, Louise M. Ryan, Richard J. Cook, Sandra W. Jacobson, Joseph L. Jacobson
	9:30	9:45	Selecting Differentially Expressed Genes in Genomic Data Using the Length of ROC (L-ROC) Method Ebru Öztürk, Merve Başol Göksülük, Dinçer Göksülük
	9:45	10:00	Genetic Link Between Lung and Thyroid Cancers: An Analysis Using the GeoSemSim R Package H. Furkan Kepenek, Dinçer Göksülük
	10:00	10:15	In Silico Screening of Plant-Derived Compounds for the Treatment of Type 2 Diabetes Mellitus: A Molecular Docking Approach Ayşe Banu PAK, Mustafa Emre ERCİN
	10:15	10:30	A Reproducible and Scalable Workflow for DNA Methylation Analysis: MethylHead R. Onur Öztornacı, Paul Yousefi, Matthew Suderman
	10:30	10:50	ÇAY - KAHVE ARASI (COFFEE BREAK)
Oturum Başkanları: Prof. Dr. Vildan SÜMBÜLOĞLU, Prof. Dr. Fezan MUTLU, Doç. Dr. Yaşar SERTDEMİR			
II. Oturum Makine Öğrenme Yapay Zeka İstatistiksel Modelleme Session II Machine Learning Artificial Intelligence Statistical Modeling	10:50	11:05	Model Değişken Önemlilik Skorları ve SHAP Değerleri ile Sıralanan Değişkenlerin Model Tahmin Performanslarına Etkilerinin Karşılaştırılması Ahmet Kadir ARSLAN, Cemil ÇOLAK
	11:05	11:20	Meme Kanseri Sınıflamasında Mamogramlar Görüntüleriyle Derin Öğrenme Yöntemlerinin Performanslarının Değerlendirilmesi Betül DAĞOĞLU HARK, Meryem GÖRAL YILDIZLI
	11:20	11:35	Kronik Böbrek Hastalığı Teşhisinde Açıklanabilir Yapay Zeka Yaklaşımı: Karşıt Olgusal Açıklamalar Yöntemi Uygulaması İpek Balıkcı ÇİÇEK, Fatma Hilal YAĞIN
	11:35	11:50	Gestasyonel Diyabet Mellitus ve Preeklampsisi Arasındaki Protein Farklılıklarının Belirlenmesi Şeyma YAŞAR
	11:50	12:05	Diferansiyel Gen Ekspresyon Analizi ile Hastalıkların Genetik Temellerinin Araştırılması: Açık Erişimli RNA-seq ve Mikroarray Verileri Üzerine Bir R Uygulaması Zeynep KÜÇÜKAKÇALI
	12:05	12:20	Ortak Gizli Sınıf Ağaç Yapısında Birden Fazla Boylamsal Yanıt Kullanımı Ceren EFE SAYIN, İlker ÜNAL
	12:20	14:00	Ö Ğ L E Y E M E Ğ İ (L U N C H)
Oturum Başkanları: Prof. Dr. Mehtap Akçil OK, Prof. Dr. Selcen YÜKSEL, Doç. Dr. Didem Derici YILDIRIM			
III. Oturum Derin Öğrenme Görüntü İşleme Yapay Zeka Session III Deep Learning Image Processing Artificial Intelligence	14:00	14:15	Kontrastlı ve Dijital Mamografi Görüntülerinde Derin Öğrenme Tabanlı Modellerin Performanslarının Karşılaştırılması Hanife Avcı, Jale Karakaya, Gamze Durhan, Figen Demirkazık, Meltem Gülsün Akpınar
	14:15	14:30	Yapay Zekâ Sohbet Robotlarının (ChatGPT4, Gemini, Copilot) Biyoistatistik Okur-Yazarlığı Açısından Okunabilirliğinin, Anlaşılabilirliğinin ve Doğruluğunun Değerlendirilmesi İlkay DOĞAN, Pınar GÜNEL, İhsan BERK, Buket İPEK BERK
	14:30	14:45	Yapay Zekâ Sohbet Robotlarının (ChatGPT4, Gemini, Copilot) Biyoistatistik Lisansüstü Öğrencisi Düzeyinde Doğruluğunun Değerlendirilmesi Pınar GÜNEL, İlkay DOĞAN, İhsan BERK, Buket İPEK BERK, Tanyeli Güneyligil KAZAZ, Vildan SÜMBÜLOĞLU
	14:45	15:00	MR Görüntüleri ve Konvolüsyonel Sinir Ağları Transfer Öğrenme Yöntemi Kullanılarak Alzheimer Hastalığının Sınıflandırılması İşıl Ünalı, Leman Tomak
	15:00	15:15	COVID-19 ile İlişkili Akut İskemik İnmenin Nörogörüntüleme Yöntemleriyle Tespiti Eylem GÜL ATEŞ, Gökçen ÇOBAN, Jale KARAKAYA
	15:15	15:30	Konvolüsyonel Sinir Ağlarına Alternatif Yenilikçi Bir Model: Konvolüsyonel Kolmogorov-Arnold Ağları Nurgül BULUT, M. Sinan Başarslan, Handan Ankaralı
	15:30	15:50	ÇAY - KAHVE ARASI (COFFEE BREAK)
Oturum Başkanları: Prof. Dr. Bahar TAŞDELEN, Prof. Dr. Ahmet ÖZTÜRK, Prof. Dr. Ferhan ELMALI			
IV. Oturum Tanı Testleri Regresyon Modelleri Referans Eğrileri Session IV Diagnostics Tests Regression Models Reference Intervals	15:50	16:05	PR Eğrileri için Alternatif Bir Öneri: Prevelans Düzeltmeli PR Eğrisi İlker Ünal, H. Esin Ünal
	16:05	16:20	Biyobelirteç Kombinasyonlarının Tanısal Başarıya Etkisi: ROC ve Birlikte Kuralı Madenciliği Yöntemlerinin Karşılaştırmalı Analizi Damla Hazal SUCU, Asena Ayça ÖZDEMİR, Bahar TAŞDELEN, Abdurrahman AYKUT
	16:20	16:35	Baş Çevresi için Pediatrik Büyüme Hızı Eğrilerinin Oluşturulması: Bir Simülasyon Çalışması Eda ÇAKMAK, Eylem GÜL ATEŞ, Ferhat ÜNAL, Mehtap AKÇİL OK
	16:35	16:50	Sağlıklı Çocuklarda Yeni Nesil Sürekli Referans Aralığı Tahmini Merve TÜRKÜGÜN ŞENGÜL, Didem DERİCİ YILDIRIM, Saniye BAŞAK OKTAY
	16:50	17:05	Boy Uzunluğu için Pediatrik Büyüme Hızı Eğrilerinin Oluşturulması: Bir Simülasyon Çalışması Eda ÇAKMAK, Eylem GÜL ATEŞ, Ferhat ÜNAL, Mehtap AKÇİL OK

25. Ulusal ve 8. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi
18-20 Kasım 2024 - Elite World Hotel Sapanca, Sakarya - TÜRKİYE

Kongre Programı (Bilimsel Program)

2. Gün / Day 2 (19 Kasım / 19 November): Second Room – Palmiye

Oturum Başkanları: Prof. Dr. Gülşah ŞEYDAOĞLU, Prof. Dr. Ertuğrul ÇOLAK, Doç. Dr. Mehmet KARADAĞ

III. Oturum Bibliyometrik Analizler İstatistiksel Modelleme Session III Bibliometric Analysis Statistical Modeling	14:00	14:15	Çoklu Bağlantı Durumunda Doğrusal, Cezalandırılmalı ve Temel Bileşenler Regresyon Modellerinin Performans ve Katsayı Önemliliklerinin İncelenmesi Semih ERGİŞİ, Yasemin Yavuz
	14:15	14:30	Gerçek ve Benzetim Verileri ile Genel Bir Bakış: Boylamsal Verilerde GEE mi QLS mi Daha Etkin? Erdoğan ASAR, Tunçer Türkoğlu, Ünal Parlak, Can Çokçalışkan, Erdem Karabulut
	14:30	14:45	Makine Öğrenmesi Algoritmaları ile Bağırsak Mikrobiyotası Kompozisyonu Araştırmalarının Bibliyometrik Analizi Zeliha AYDIN KASAP, Bünyamin KASAP
	14:45	15:00	Türkiye’de Adında “Yapay Zeka” Geçen Tıpta Uzmanlık Tezlerin Bibliyografik Verilerinin Değerlendirilmesi Özlem ARIK
	15:00	15:15	Tıp ve Sağlık Bilimlerinde Gizli Değişken Modellerine Yönelik Araştırma Eğilimleri: Web of Science Verilerine Dayalı Bibliyometrik Analiz Meriç YAVUZ ÇOLAK, Murat KOÇAK, Ayşe YAVUZ DERMAN, Caner İNCEKAŞ
	15:15	15:30	Türkiye’de Biyoistatistik Alanında Yapılmış Doktora Tezlerinin Analizi Aslı Boz, Gülşah Seydaoğlu
	15:30	15:50	ÇAY - KAHVE ARASI (COFFEE BREAK)

Oturum Başkanları: Prof. Dr. Gülhan TEMEL, Prof. Dr. Jale KARAKAYA Doç. Dr. Arzu Baygöl EDEN

IV. Oturum Ölçek, Geçerlik & Güvenilirlik Biyoistatistik Eğitimi Session IV Scale, Validity & Reliability Biostatistics Education	15:50	16:05	Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Akreditasyonunda Biyoistatistiğin Yeri ve Önemi Asena Ayça ÖZDEMİR, Gülhan TEMEL, İbrahim BAŞHAN
	16:05	16:20	Klasik Test Teorisi ile Genellenebilirlik Kuramının Karşılaştırılması: Koç Üniversitesi OSCE Örneği Mert Veznikli, Zeynep Seda Uyan, Mehmet Gökhan Gönenli, Erdem Gönüllü, Arzu Baygöl Eden
	16:20	16:35	Biyoistatistik Tutum, Davranış ve Bilgi Ölçeği Geliştirilmesi Alev BAKIR KAYI, Arzu BAYGÖL EDEN, Erdem KARABULUT
	16:35	16:50	Normal Dağılım Göstermeyen Tekrarlı Ölçümlerin Analizi Nurgül Bulut, Ahmet Avcı, Şeyma Nur Bayındır, Handan Ankaralı
	16:50	17:05	Tıp Fakültesi Lisans Eğitiminde Alternatif Biyoistatistik Eğitimi: Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Deneyimi Gülşah ŞEYDAOĞLU, Aslı Boz, Sevinç Püren Yücel Karakaya, Nazlı Totik Doğan, Hülya Binokay, Yusuf Kemal Arslan, İlker Ünal, Yaşar Sertdemir
	17:05	17:20	Makine Öğrenmesi Sınıflama Problemlerinde Örneklem Büyüklüğü Seçimi Caner İNCEKAŞ, Meriç Yavuz ÇOLAK, Atilla Halil ELHAN

25. Ulusal ve 8. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi 18-20 Kasım 2024 - Elite World Hotel Sapanca, Sakarya - TÜRKİYE			
Kongre Programı (Bilimsel Program)			
3. Gün / Day 3 (20 Kasım / 20 November): Ana Salon / Main Hall – Ocaltıptus			
	Saat/Hour	Sunum Başlığı/Presentation Title	
Oturum Başkanları: Prof. Dr. İsmet DOĞAN, Prof. Dr. M. Agah TEKİNDAL, Doç. Dr. İlkay DOĞAN			
V. Oturum Biyoinformatik ve Genomik Sınıflama & Kümeleme İstatistiksel Modelleme Session V Bioinformatics and Genomics Classification & Clustering Statistical Modeling	9:00	9:15	Diyabetik Retinopati Tanısında Sınıflandırma Algoritmalarının Etkinliğinin İncelenmesi Ayşe YAVUZ DERMAN, Meriç YAVUZ ÇOLAK
	9:15	9:30	RNA Dizileme Verileri Üzerinde Boyut İndirgeme Yöntemlerinin Kümeleme Analizi Performansına Etkisinin Benzetim Çalışması İle Değerlendirilmesi Çağla ŞAFAK, Atilla Halil ELHAN, Can ATEŞ, Beyza DOĞANAY
	9:30	9:45	Boylamsal ve Weibull Hızlandırılmış Başarısızlık Süresi Verilerinin Parametrik Bileşik Model Tahminlerinde Düzeltilmiş Bayesci İki-Aşamalı Yaklaşım Elif Yıldırım, Duru Karasoy
	9:45	10:00	Kayıp Veri Varlığında Propensity Skor Ağırlıklandırması: Bir Simülasyon Çalışması S. Püren YÜCEL KARAKAYA, İlker ÜNAL
	10:00	10:15	Propensity Skor Eşleştirmesine Tolerans Seviyesinin Etkisi Nazlı TOTİK DOĞAN, İlker Ünal
	10:15	10:35	ÇAY - KAHVE ARASI (COFFEE BREAK)
Oturum Başkanları: Prof. Dr. Yasemin YAVUZ, Prof. Dr. Meriç Yavuz ÇOLAK, Doç. Dr. Pınar GÜNEL			
VI. Oturum İstatistiksel Modelleme Session VI Statistical Modeling	10:35	10:50	Transform: İstatistiksel Dönüşümler için Bir R Paketi Muge COSKUN YILDIRIM, Osman DAG
	10:50	11:05	Araçlık Analizinde Biyobelirteçlerin Değerlendirilmesinde Alternatif Yaklaşımların Araştırılması Hülya BİNOKAY, Yaşar SERTDEMİR
	11:05	11:20	İstanbul'daki Suriye Uyrukları Çocukların Açılanmasının Spatial Analizi Berfu Parçalı, Prof. Dr. Fezan MUTLU
	11:20	11:35	KOAH Hastalarında Yaşam Kalitesinin Değerlendirilmesi: Bilişsel Tanı Modeli Analizlerinin Web Tabanlı Bir Arayüze Dönüştürülmesi Pervin Demir, Selcen Yüksel
	11:35	12:30	KAPANIŞ OTURUMU

25. Ulusal ve 8. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi 18-20 Kasım 2024 - Elite World Hotel Sapanca, Sakarya - TÜRKİYE			
Kongre Programı (Bilimsel Program)			
3. Gün / Day 3 (20 Kasım / 20 November): Second Room – Palmiye			
	Saat/Hour	Sunum Başlığı/Presentation Title	
Oturum Başkanları: Prof. Dr. Şengül CANGÜR, Prof. Dr. Derya GÖKMEN, Dr. Öğt. Üyesi Muzaffer BİLGİN			
V. Oturum Poster Sunumları Session V Poster Presentations	10:00	10:05	RNA Modifikasyonlarının Biyoinformatik Analizi: Motif Keşfi ve Sınıf Tahmini Kevser Kübra KIRBOĞA
	10:05	10:10	Klinik Uygulamalarda Bağlantı Analizi ve Ağ Grafikleri: Veri Setlerinde Örtülü İlişkilerin Aydınlatılması Damla Hazal SUCU, Bahar TAŞDELEN
	10:15	10:20	Tıbbi Görüntü Analizinde Derin Öğrenme Modellerinin Mamografi Görüntüleri Üzerinde Performanslarının Karşılaştırılması Jale Karakaya, Büşra Kurt, Hanife Avcı
	10:20	10:25	Beslenme Alışkanlıklarının Zaman İçindeki Değişimi: NHANES Verilerine Dayalı Bir Analiz Serhat Erdem


25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

ÖDÜLLER


Kongrede sunulan bildiriler (sözlü/poster) bağımsız bir **hakem kurulu (%80 ağırlık)** ve **dinleyicilerin (%20 ağırlık)** verdikleri oylar dikkate alınarak değerlendirilmiştir. Değerlendirme sonucunda ödül almaya hak kazanan bildiriler aşağıda listelenmiştir.


Sözlü Sunum Birincilik Ödülü


Başlık: PR Eğrileri için Alternatif Bir Öneri: Prevelans Düzeltmeli PR Eğrisi
Yazarlar: İlker Ünal, H. Esin Ünal


Sözlü Sunum İkincilik Ödülü

Başlık: Transform: İstatistiksel Dönüşümler İçin Bir R Paketi
Yazarlar: Müge COŞKUN YILDIRIM, Osman DAĞ


Sözlü Sunum Üçüncülük Ödülü

Başlık: KOAH Hastalarında Yaşam Kalitesinin Değerlendirilmesi: Bilişsel Tanı Modeli Analizlerinin Web Tabanlı Bir Arayüze Dönüştürülmesi
Yazarlar: Pervin Demir, Selcen Yüksel


Poster (Kısa Sözlü Sunum) Ödülü

Başlık: RNA Modifikasyonlarının Biyoinformatik Analizi: Motif Keşfi ve Sınıf Tahmini
Yazarlar: Kevser Kübra KIRBOĞA


Prof. Dr. Ünal ERKORKMAZ
Kongre Başkanı

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ

18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

GENEL BİLGİLER

Kongre Tarihi ve Yeri

25. ULUSAL VE 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ, 18-20 Kasım 2024 tarihlerinde **Sakarya**'da **Elite World Hotel Sapanca Convention & Wellness Resort** otelinde gerçekleştirilmiştir.

Kongre Dili

Kongre dili Türkçe ve İngilizce'dir. Eşanlı (simültane) tercüme hizmeti sağlanmayacaktır.

Kongre Kayıt

Kongre kayıtları 31 Ekim 2024, saat 23:59 tarihine kadar devam edecektir.

Web Sayfası

Kongrenin resmi internet sayfası <http://www.biyostatistikkongresi.net> dir.

Katılım Belgesi

Kongreye kayıt yaptıran ve oturumlara devam eden tüm katılımcılara, katılım belgeleri basılı olarak düzenlenecek, kongre bitiminde verilecektir.

Kurslar

Kongre kapsamında 17 Kasım 2024 tarihinde kurslar düzenlenecektir.

Kongre programı: 18-20 Kasım 2024

Açılış programı 18 Kasım 2024 tam gün, oturumlar 19 Kasım 2024 tüm gün ve 20 Kasım 2024 yarım gün şeklinde planlanmaktadır.

25. ULUSAL ve 8. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
18 – 20 Kasım 2024, Sakarya, TÜRKİYE

SPONSORLAR



İÇİNDEKİLER

SÖZLÜ BİLDİRİLER

Tıp Fakültesi Lisans Eğitiminde Alternatif Biyoistatistik Eğitimi: Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Deneyimi.....	1
Yapay Zekâ Sohbet Robotlarının (ChatGPT4, Gemini, Copilot) Biyoistatistik Lisansüstü Öğrencisi Düzeyinde Doğruluğunun Değerlendirilmesi	2
Yapay Zekâ Sohbet Robotlarının (ChatGPT4, Gemini, Copilot) Biyoistatistik Okur-Yazarlığı Açısından Okunabilirliğinin, Anlaşılabilirliğinin ve Doğruluğunun Değerlendirilmesi.....	3
Türkiye’de Biyoistatistik Alanında Yapılmış Doktora Tezlerinin Analizi.....	5
Transform: İstatistiksel Dönüşüm İçin Bir R Paketi.....	7
Model Değişken Önemlilik Skorları ve SHAP Değerleri ile Sıralanan Değişkenlerin Model Tahmin Performanslarına Etkilerinin Karşılaştırılması	9
Meme Kanseri Sınıflamasında Mamografi Görüntüleriyle Derin Öğrenme Yöntemlerinin Performanslarının Değerlendirilmesi	11
Kontrastlı ve Dijital Mamografi Görüntülerinde Derin Öğrenme Tabanlı Modellerin Performanslarının Karşılaştırılması.....	13
Selecting Differentially Expressed Genes in Genomic Data Using the Length of ROC (L-ROC) Method.....	15
Makine Öğrenmesi Sınıflama Problemlerinde Örneklem Büyüklüğü Seçimi	17
Kronik Böbrek Hastalığı Teşhisinde Açıklanabilir Yapay Zeka Yaklaşımı: Karşıt Olgusal Açıklamalar Yöntemi Uygulaması.....	19
Gestasyonel Diyabet Mellitus ve Preeklampsi Arasındaki Protein Farklılıklarının Belirlenmesi	21
Diferansiyel Gen Ekspresyon Analizi ile Hastalıkların Genetik Temellerinin Araştırılması: Açık Erişimli RNA-seq ve Mikroarray Verileri Üzerine Bir R Uygulaması	22
Tıp ve Sağlık Bilimlerinde Gizli Değişken Modellerine Yönelik Araştırma Eğilimleri: Web of Science Verilerine Dayalı Bibliyometrik Analiz	23
Türkiye’de Adında “Yapay Zeka” Geçen Tıpta Uzmanlık Tezlerin Bibliyografik Verilerinin Değerlendirilmesi	25
Baş Çevresi İçin Pediatrik Büyüme Hızı Eğrilerinin Oluşturulması: Bir Simülasyon Çalışması	27
Ortak Gizli Sınıf Ağaç Yapısında Birden Fazla Boylamsal Yanıt Kullanımı	29
COVID-19 İlişkili Akut İskemik İnmenin Nörogörüntüleme Yöntemleriyle Tespiti	30
PR Eğrileri için Alternatif Bir Öneri: Prevalans Düzeltmeli PR Eğrisi.....	32
Sağlıklı Çocuklarda Yeni Nesil Sürekli Referans Aralığı Tahmini	33
Gerçek ve Benzetim Verileri ile Genel Bir Bakış: Boylamsal Verilerde GEE mi QLS mi Daha Etkin?.....	35
Klasik Test Teorisi ile Genellenebilirlik Kuramı’nın Karşılaştırılması: Koç Üniversitesi OSCE Örneği.....	38
Normal Dağılım Göstermeyen Tekrarlı Ölçümlerin Analizi	42
Konvolüsyonel Sinir Ağlarına Alternatif Yenilikçi Bir Model: Konvolüsyonel Kolmogorov-Arnold Ağları	44
Propensity Skor Eşleştirmesine Tolerans Seviyesinin Etkisi	46

Kayıp Veri Varlığında Propensity Skor Ağırlıklandırması: Bir Simülasyon Çalışması.....	48
Biyoistatistik Tutum, Davranış ve Bilgi Ölçeği Geliştirilmesi.....	50
A Reproducible and Scalable Workflow for DNA Methylation Analysis: MethylHead.....	52
Boylamsal ve Weibull Hızlandırılmış Başarısızlık Süresi Verilerinin Parametrik Bileşik Model Tahminlerinde Düzeltilmiş Bayesci İki-Aşamalı Yaklaşım	53
Çoklu Bağlantı Durumunda Doğrusal, Cezalandırılmalı ve Temel Bileşenler Regresyon Modellerinin Performans ve Katsayı Önemliliklerinin İncelenmesi	55
Biyobelirteç Kombinasyonlarının Tanısal Başarıya Etkisi: ROC ve Birliktelik Kuralı Madenciliği Yöntemlerinin Karşılaştırmalı Analizi.....	57
Aracılık Analizinde Biyobelirteçlerin Değerlendirilmesinde Alternatif Yaklaşımların Araştırılması.....	59
Similarities And Differences of Bone Marrow and Peripheral Blood Samples from Acute Myeloid Leukemia Patients In Terms of Cellular Heterogeneity And Ex-Vivo Drug Sensitivity	61
İstanbul'daki Suriye Uyruklu Çocukların Aşılmasının Spatial Analizi	63
Diyabetik Retinopati Tanısında Sınıflandırma Algoritmalarının Etkinliğinin İncelenmesi	65
Boy Uzunluğu İçin Pediatrik Büyüme Hızı Eğrilerinin Oluşturulması: Bir Simülasyon Çalışması	67
RNA Dizileme Verileri Üzerinde Boyut İndirgeme Yöntemlerinin Kümeleme Analizi Performansına Etkisinin Benzetim Çalışması ile Değerlendirilmesi	69
Genetic Link between Lung and Thyroid Cancers: An Analysis Using the GeoSemSim R Package	71

SÖZLÜ BİLDİRİLER (TAM METİN)

MR Görüntüleri ve Konvolüsyonel Sinir Ağları Transfer Öğrenme Yöntemi Kullanılarak Alzheimer Hastalığının Sınıflandırılması	75
Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Akreditasyonunda Biyoistatistiğin Yeri ve Önemi.....	87
Makine Öğrenmesi Algoritmaları ile Bağırsak Mikrobiyotası Kompozisyonu Araştırmalarının Bibliyometrik Analizi.....	94
Bibliometric Analysis of Research on Gut Microbiota Composition with Machine Learning Algorithms	95
In Silico Screening of Plant-Derived Compounds for the Treatment of Type 2 Diabetes Mellitus: A Molecular Docking Approach	104
KOAH Hastalarında Yaşam Kalitesinin Değerlendirilmesi: Bilişsel Tanı Modeli Analizlerinin Web Tabanlı Bir Arayüze Dönüştürülmesi.....	112

KISA SÖZLÜ BİLDİRİLER

Tıbbi Görüntü Analizinde Derin Öğrenme Modellerinin Mamografi Görüntüleri Üzerinde Performanslarının Karşılaştırması	121
Klinik Uygulamalarda Bağlantı Analizi ve Ağ Grafikleri: Veri Setlerinde Örtülü İlişkilerin Aydınlatılması	122
Beslenme Alışkanlıklarının Zaman İçindeki Değişimi: NHANES Verilerine Dayalı Bir Analiz.....	123
RNA Modifikasyonlarının Biyoinformatik Analizi: Motif Keşfi ve Sınıf Tahmini	126

SÖZLÜ BİLDİRİLER
(ÖZET)

SB1

Tıp Fakültesi Lisans Eğitiminde Alternatif Biyoistatistik Eğitimi: Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Deneyimi

Gülşah Seydaoğlu^{1*}, Aslı Boz², Sevinç Püren Yücel Karakaya¹, Nazlı Totik Doğan¹, Hülya Binokay¹, Yusuf Kemal Arslan¹, İlker Ünal¹, Yaşar Sertdemir¹

¹ Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı

² Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Tıp Eğitimi ve Bilişimi Anabilim Dalı

* Sorumlu Yazar: gulsahseydaoglu@gmail.com

Amaç: Bu çalışmanın amacı sosyal sorumluluk ve tıpta insan bilimleri uygulamaları ile entegre edilmiş Biyoistatistik eğitim modelinin içeriğini, yöntem ve sonuçlarını paylaşmaktır.

Yöntem: Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi'nde (ÇÜTF) yaklaşık 30 yıldır teorik ve pratik olarak yürütülen Biyoistatistik dersi fakültenin ilk iki yılında verilmektedir. Dersin öğrenim kazanımları dikkate alındığında aktarılması hedeflenen bilginin öğrenciler tarafından yeterince anlaşılmadığı ve öğrencilere gerekli beceriyi kazandırmadığı saptanmış bu nedenle dersin klinik dönem olan 3. sınıfa taşınarak ve saha uygulamaları ile birlikte sürdürülmesinin öğrenciler için daha yararlı olacağı kanaatine varılmıştır.

Müfredata "Hekimlik Uygulamaları" adıyla dahil edilen bu ders kredilendirilerek ÇÜTF Eğitim-Öğretim ve Sınav Yönergesi'ne eklenmiştir. Bu uygulamalar, 1. ve 2. sınıfta Sosyal Bilimler ile Entegre Tıp ve 3. sınıfta Sosyal Sorumluluk Projeleri ve Bilimsel Araştırmalar koridorları ile öğrencilerin birikimli bilgi ve beceri geliştirmesini amaçlamaktadır.

Bulgular: Biyoistatistik ve Tıp Eğitimi ve Bilişimi anabilim dallarının 4 yıldır beraber yürüttüğü bu ders kapsamında öğrencilerin sosyal sorumluluk projeleri ve bilimsel araştırmaları toplum içinde planlayarak disiplinler arası iş birliği ile eleştirel düşünme becerisi kazanmaları hedeflenmektedir. Küçük gruplara ayrılan öğrenciler, ders sürecini bir yıl boyunca yürütmekte ve toplam 6 ders kurulundan oluşan bu yılda 2 kez (2. ve 5. Ders kurulu) izlem raporu teslim etmektedirler. Bu form yürütecekleri projenin başlığını, amacını, çalışma tasarımlarını ve iş-görev şeması ve literatür taramalarını içermektedir. Öğrenciler son ders kurulunda ise proje/araştırmalarını makale formatında (amaç, materyal ve metot, bulgular, tartışma, sonuç, kaynakça) rapor olarak sunmaktadır. Son olarak süreç boyunca öğrencilerden alınan bu formlar, akran değerlendirmeleri ve yılsonunda tüm öğrencilerin kendi yürüttükleri proje/araştırmalarını anlattıkları poster sunumları dikkate alınarak değerlendirme yapılmaktadır.

Sonuç: Bu uygulama ile öğrencilerin bilimsel araştırma süreçlerinde hipotez geliştirme, araştırma tasarlama ve uygulama becerisi kazanmaları hedeflenmekte olup, alınan geri bildirimler bu kazanımların sağlandığını göstermektedir.

Anahtar Kelimeler: Biyoistatistik Dersi, Entegre Eğitim, Eğitim Modeli

SB2

Yapay Zekâ Sohbet Robotlarının (ChatGPT4, Gemini, Copilot) Biyoistatistik Lisansüstü Öğrencisi Düzeyinde Doğruluğunun Değerlendirilmesi

Pınar GÜNEL¹, İlkyay DOĞAN², İhsan BERK¹, Buket İPEK BERK³, Tanyeli GÜNEYLİGİL KAZAZ², Vildan SÜMBÜLOĞLU¹

¹ SANKO Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 27090, Gaziantep, Türkiye

² Gaziantep Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 27310, Gaziantep, Türkiye

³ SANKO Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 27090, Gaziantep, Türkiye

Amaç: Sohbet robotları son yıllarda sağlık alanında lisansüstü eğitimi alan öğrencilerin sıklıkla başvurduğu kaynaklar haline gelmiştir. Bu çalışmanın amacı biyoistatistik alanında lisansüstü eğitimi düzeyinde, öğrencilerin yapay zekâ sohbet robotlarında alana özgü yaptığı sorgulamalara verilen yanıtların doğruluğunu değerlendirmektir.

Yöntem: Bu araştırma için en çok kullanılan ChatGPT4, Gemini ve Copilot sohbet robotlarının ücretsiz sürümleri kullanılmıştır. Biyoistatistik alanında lisansüstü eğitimi alan öğrencilerin sıklıkla sorguladığı düşünülen konulardan toplam 20 adet soru belirlenmiştir. Belirlenen sorular uzmanlardan biri tarafından yapay zekâ sohbet robotlarına yöneltilmiş ve yanıtlar kaydedilmiştir. Kaydedilen yanıtlar, hangi sohbet robotuna ait olduğu konusunda körlenen üç öğretim üyesi tarafından “Doğru”, “Kısmen doğru” ve “Yanlış” şeklinde bağımsız olarak değerlendirilmiştir. Daha sonra bu üç öğretim üyesi bir araya gelerek yanıtları birlikte incelemiş ve doğruluk düzeyleri konusunda fikir birliği sağlayarak son değerlendirmeyi yapmıştır.

Bulgular: Araştırmada kullanılan ChatGPT4 yapay zekâ sohbet robotunun yanıtlarının %80’i “Doğru”, %15’i “Kısmen Doğru”, %5’i “Yanlış” olarak; Gemini yapay zekâ sohbet robotunun yanıtlarının %90’ı “Doğru”, %10’u “Kısmen Doğru” olarak ve Copilot sohbet robotunun %50’si “Doğru”, %50’si “Kısmen Doğru” olarak belirlenmiştir. Sohbet robotlarının doğruluk oranları karşılaştırıldığında istatistiksel olarak anlamlı bir fark tespit edilmiştir ($p=0.009$). Farkın hangi sohbet robotundan kaynakladığı araştırıldığında Copilot’un doğruluk oranının Gemini’den farklı olduğu sonucuna ulaşılmıştır.

Sonuç: Araştırmaya dahil edilen yapay zekâ sohbet robotlarından ikisinin sorgulanan sorulara yüksek oranda doğru yanıt verdiği bulunsa da yanıtların yine de dikkatle ele alınması gerektiği sonucuna ulaşılmıştır.

Anahtar Kelimeler: Yapay Zekâ Sohbet Robotları, Biyoistatistik Lisansüstü Öğrenci Düzeyi, Doğruluk.

SB3

Yapay Zekâ Sohbet Robotlarının (ChatGPT4, Gemini, Copilot) Biyoistatistik Okur-Yazarlığı Açısından Okunabilirliğinin, Anlaşılabilirliğinin ve Doğruluğunun Değerlendirilmesi

İlkay DOĞAN¹, Pınar GÜNEL², İhsan BERK², Buket İPEK BERK³

¹ Gaziantep Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 27310, Gaziantep, Türkiye

² SANKO Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 27090, Gaziantep, Türkiye

³ SANKO Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 27090, Gaziantep, Türkiye

Amaç: Sohbet robotları son yıllarda; tanı ve görüntüleme, tedavi, hasta takibi ve desteği, sağlığın geliştirilmesi, müşteri hizmetleri, satış, pazarlama, bilgi ve teknik destek gibi birçok farklı alanda sıklıkla kullanılmaktadır. Bu çalışmanın amacı sağlık alanındaki araştırmacıların yapay zekâ sohbet robotları aracılığıyla biyoistatistik alanında yaptığı sorgulamaların okunabilirliğini, anlaşılabilirliğini ve doğruluğunu değerlendirmektir.

Yöntem: Bu araştırma için en çok kullanılan ChatGPT4, Gemini ve Copilot sohbet robotlarının ücretsiz sürümleri kullanılmıştır. Sağlık alanındaki araştırmacıların temel biyoistatistik konularında sıklıkla sorguladığı düşünülen başlıklardan toplam 10 adet soru 4 uzman tarafından belirlenmiştir. Belirlenen sorular uzmanlardan biri tarafından yapay zekâ sohbet robotlarına yöneltilmiş ve yanıtlar kaydedilmiştir. Kaydedilen yanıtlar, hangi sohbet robotuna ait olduğu konusunda körlenen üç uzman tarafından “Doğru”, “Kısmen doğru” ve “Yanlış” şeklinde bağımsız olarak değerlendirilmiştir. Daha sonra bu uzmanlar bir araya gelerek yanıtları birlikte incelemiş ve doğruluk düzeyleri konusunda fikir birliği sağlayarak son değerlendirmeyi yapmıştır. Ayrıca yanıtların okunabilirliği ve anlaşılabilirliği; Ateşman, Sönmez, Çetinkaya-Uzun ve Bezirci-Yılmaz’ın okunabilirlik ve anlaşılabilirlik ölçüleri kullanılarak değerlendirilmiştir. Araştırmada kullanılan Ateşman okunabilirlik puanı “1: çok zor”, “100: çok kolay” şeklinde, Sönmez anlaşılabilirlik oranı “0,00001: tam iletişim sağlanır”, “1: metin tümüyle anlamsız” şeklinde, Çetinkaya-Uzun’un okunabilirlik puanı “0: yetersiz okuma düzeyi”, “51+: bağımsız okuma düzeyi” şeklinde ve Bezirci-Yılmaz’ın okunabilirlik puanı “1: ilköğretim düzeyinde”, “16+: akademik düzeyde” şeklinde değerlendirilmektedir.

Bulgular: Araştırmada kullanılan ChatGPT4, Gemini ve Copilot sohbet robotlarının Ateşman okunabilirlik puan ortalamaları sırasıyla, 42,88±7,77; 43,28±6,05 ve 49,46±13,4 olarak hesaplanmış, tüm sohbet robotlarının Ateşman okunabilirlik düzeyinin “zor” olduğu sonucuna ulaşılmıştır. Sönmez anlaşılabilirlik oranları sırasıyla, 0,003±0,003; 0,002±0,002 ve 0,006±0,009 olarak hesaplanmış, sohbet robotlarının tümü için “metin anlaşılabilir” sonucuna ulaşılmıştır. Çetinkaya-Uzun okunabilirlik ortalamaları sırasıyla, 30,16±4,51; 29,39±3,74 ve 33,77±7,71 olarak hesaplanmış ve tüm sohbet robotları için “yetersiz okuma düzeyi” sonucuna ulaşılmıştır. Bezirci-Yılmaz okunabilirlik ortalamaları sırasıyla, 47,0±22,92; 93,55±12,56 ve 46,92±10,72 olarak hesaplanmış ve Bezirci-Yılmaz okunabilirlik düzeyinin “akademik düzeyde” olduğu sonucuna ulaşılmıştır. Yapay zekâ sohbet robotları okunabilirlik ve anlaşılabilirlik ölçüleri bakımından karşılaştırıldığında yalnızca Bezirci-Yılmaz okunabilirlik düzeyi açısından Gemini sohbet robotu, ChatGPT4 ve Copilot sohbet robotlarından istatistiksel açıdan farklılık göstermiştir (p<0.001). On soruya verilen yanıtlar 3 uzman tarafından doğruluk açısından birlikte incelendiğinde yapay zekâ sohbet robotlarının doğru yanıt verme oranı sırasıyla %60, %60 ve %80 olarak bulunmuştur. Doğru yanıt açısından istatistiksel olarak anlamlı bir fark elde edilmemiştir (p=0.819).

Sonuç: Okunabilirlik ve anlaşılabilirlik ölçülerinden elde ettiğimiz değerler doğrultusunda, incelediğimiz yapay zekâ sohbet robotlarının biyoistatistik okur-yazarlığı açısından belirli bir düzeyde anlaşılır olduğu ancak okunabilirlik düzeyinin zor olduğu sonucuna ulaşılmıştır.

Anahtar Kelimeler: Yapay Zekâ Sohbet Robotları, Biyoistatistik Okur-Yazarlığı, Okunabilirlik, Anlaşılabilirlik, Doğruluk.

SB4

Türkiye’de Biyoistatistik Alanında Yapılmış Doktora Tezlerinin Analizi

Aslı Boz^{1*}, Gülşah Seydaoğlu²

¹ Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Tıp Eğitimi ve Bilişimi Anabilim Dalı

² Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı

* Sorumlu Yazar: asliboz.stat@gmail.com

Amaç: Ülkemizde görece yeni sayılabilecek bir disiplin olan Biyoistatistik, Prof. Dr. Nusret Fişek’in 1960’larda Biyoistatistik alanında yetiştirilmesi için yurtdışına gönderdiği hekimler ile başlamış yine bu yıllarda bazı tıp fakültelerinde Biyoistatistik dersinin okutulması ve bazı tıp fakültelerinin Halk Sağlığı bölümlerinde birimlerin oluşturulmasıyla devam etmiştir. İlk Biyoistatistik programı ise 1968’de Hacettepe Üniversitesi Sağlık Bilimleri Fakültesi’nde açılmıştır. 1982 yılında bilim dalını ilk kuran Hacettepe Üniversitesi Tıp Fakültesi’ni diğer tıp fakülteleri izlemiş 1995 yılında Biyoistatistik bilim dalları anabilim dalı düzeyinde faaliyet göstermeye başlamıştır. <https://istatistik.yok.gov.tr/> adresinden alınan anabilim dalı istatistikleri incelendiğinde tam zamanlı çalışan öğretim elemanı bulunan Biyoistatistik, Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi, Veterinerlik ve Biyoistatistik olmak üzere 3 anabilim dalı bulunmaktadır. Biyoistatistik Anabilim Dalı’nın 40’ı devlet 11’i vakıf, Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı’nın 47’si devlet 12’si vakıf, Veterinerlik ve Biyoistatistik Anabilim Dalı’nın ise 11’i devlet üniversitesi olmak üzere toplam 122 üniversitede Biyoistatistik Anabilim Dalı mevcuttur. Bu bildirinin amacı Türkiye’de Biyoistatistik lisansüstü programlarında yapılan doktora tezlerinin mevcut durum ve eğilimini ortaya çıkarmaktır.

Yöntem: Zancanaro ve ark. (2015) tarafından geliştirilen bibliyometrik analiz yöntemi kullanılan bu bildiriye YÖK Ulusal Tez Merkezi internet sitesinde toplam 220 doktora tezine ulaşılmıştır. Tezlerin başlık ve özetlerinden yola çıkarak konular kategorilere ayrılmış, kullanılan anahtar kelimeler incelenmiş, tezlerin üniversite ve yıllara göre dağılımları, açık ve kapalı olma durumları, yazım dilleri incelenmiştir. Ek olarak tezler simüle ve/veya gerçek veri kümesinden üretilen tezler olarak gruplandırılmış ve veri setlerinin analizlerinde kullanılan programlar saptanmıştır. Belirlenen kategorilerin güvenilirliği için uzman görüşüne başvurulmuştur.

Bulgular: 1979-2024 yılları arasındaki tezler incelenmiş en çok tez 2022 yılında üretilmiştir (n=23). 27 tez erişime açık olmayıp 14 tez İngilizce yazılmıştır. En çok doktora tezi Hacettepe Üniversitesi’nde yürütülmüştür (n=41). Tezlerde en sık kullanılan 3 anahtar kelime Makine öğrenmesi, Sağkalım, Simülasyon’dur. Başlık ve özetleri incelenen tezlerin çalışma alanlarına göre kategorilere ayrılması, tezlerde kullanılan veri setleri (gerçek veri, simülasyon, simülasyon+gerçek veri) ve kullanılan programlar için analizler devam etmektedir.

Sonuç ve Tartışma: Kariyerlerine devam etmek isteyen araştırmacıların yüksek lisans sonrası doktora devam ettiği öngörüsüyle bu alanda yapılan lisansüstü tezler içinde yalnızca doktora tezleri seçilmiş ve incelenmiştir. Özellikle 2019 yılı ve sonrasında doktora tezlerinde bir artış olduğu görülmekte ve sonraki çalışmalarda bu tezlerden üretilen yayınların seçilen kriterlere göre (indeks, atıf vb.) incelenmesi planlanmaktadır. Teoriden çok uygulamaya yönelik çalışıldığı saptanan tezlerin anahtar kelimeler ve çalışma alanlarından yola çıkarak yapılan ilk incelemelere göre yapay zeka, makine öğrenmesi ve derin öğrenmenin günümüzde giderek yaygınlaşmasının tezlerdeki çalışma alanına etkisi gözlemlenmiş ilerleyen süreçlerde de bu konulara eğilimin artacağı düşünülmektedir. Ek olarak ayrı anabilim dalı olarak tıp bilişime yaklaşık 30 yıldır eğitim ve araştırma katkısı sunan Biyoistatistik

disiplininde bu süreç boyunca yapılan lisansüstü tezlerin tematik konu ve içerik değeri açısından yıllar içerisindeki eğilimlerini incelemenin akademik çalışanlar için yol gösteri olacağı düşünülmektedir.

Anahtar Kelimeler: Biyoistatistik, Doktora Tezi, Bibliyometrik Analiz

Kaynaklar

[1] Tıp Dünyası (2002, 1 Nisan. Sayı: 88). Biyoistatistik Biliminin Gelişimi. 30 Eylül 2024 tarihinde <https://www.ttb.org.tr/td/td88/6.php> adresinden erişilmiştir.

[2] Yükseköğretim Kurulu Başkanlığı Tez Merkezi. 30 Eylül 2024 tarihinde <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/> erişilmiştir.

[3] Zancanaro, A., Todesco, J. L., & Ramos, F. (2015). A bibliometric mapping of open educational resources. *The International Review of Research in Open and Distributed Learning*, 16(1).

SB5

Transform: İstatistiksel Dönüşüm İçin Bir R Paketi

Müge COŞKUN YILDIRIM¹, Osman DAĞ^{2*}

¹ Lokman Hekim Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Ana Bilim Dalı, Ankara, Türkiye;

² Hacettepe Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Ana Bilim Dalı, Ankara, Türkiye,

*Sorumlu yazar: osman.dag@outlook.com

Amaç: Bu çalışmanın amacı; normallik varsayımı sağlanamadığı durumlarda kullanılan Log-Shift, Box-Cox, Bickel-Doksum, Yeo-Johnson, Karekök-Shift, Manly, Modulus, Dual ve Gpower dönüşüm yöntemlerinin Shapiro-Wilk test (SW) istatistiğini maksimize eden dönüşüm parametrelerini kestirmek ve bu yöntemlerin performansını Log, Neglog, Glog, Ters dönüşüm yöntemlerini de ekleyerek, Monte Carlo benzetim çalışmasıyla farklı senaryolar altında incelemektir. Benzetim çalışması ile SW istatistiği ve en çok olabilirlik kestirimi (MLE) ile parametre kestirimi yöntemleri de karşılaştırılmıştır. Ayrıca bu dönüşüm yöntemleri R programında Transform kütüphanesi geliştirilerek bir araya getirilmiş, araştırmacıların kullanımına açılmış ve uygulaması açık erişimli bir veri seti üzerinde gösterilmiştir.

Yöntem: Parametre kestirim yönteminin uygulanması için izlenecek adımlar şöyledir:

1. λ parametresinin en uygun değeri için aranacak aralık belirlenir. Kullanılacak dönüşüm yönteminde belirtilen sınırlar dikkate alınarak örneğin $\lambda = -3, -2.99, -2.98, \dots, 2.98, 2.99, 3$ seçilir,
2. İlgili dönüşüm yöntemi uygulanır,
3. λ parametresi kadar dönüştürülmüş veri elde edilir,
4. Her λ değeri için elde edilen dönüştürülmüş veri setine SW uygulanır, her λ değeri için bir tane SW istatistiği elde edilmiş olur (1),
5. SW istatistiği maksimum olan λ değeri ilgili dönüşüm yöntemi için optimum parametre kestirimi olarak seçilir.

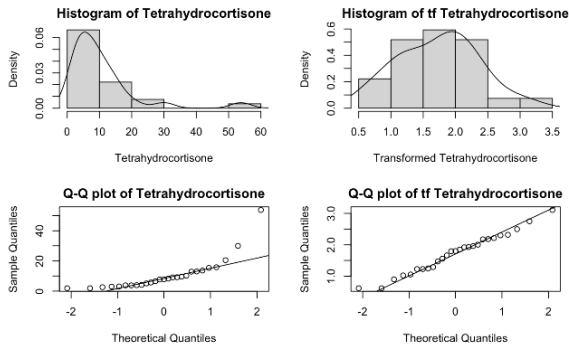
Bu çalışma kapsamında SW istatistiği ile parametre kestirim yönteminin çeşitli dağılımlarda etkisini görebilmek için en iyi bilinen Beta, Ki-Kare, Üstel, F, Gamma ve Weibull sürekli dağılımlarından veri üretilmiştir. Bu dağılımların farklı özelliklerini görebilmek için her dağılım için beş farklı parametre değeri seçilmiştir. Sonuçların tekrarlanabilmesi için set.seed fonksiyonu 12345 olarak sabitlenmiştir. (2) Benzetim çalışmasının algoritması şöyledir;

1. Farklı 10, 20, 30, 50, 100, 500 örneklem büyüklüklerinde normal olmayan dağılımdan veri üretilir,
2. Dönüşüm yöntemleri ayrı ayrı uygulanır,
3. SW ile normal dağılım gösterip göstermediği kontrol edilir,
4. İlk 3 adım 10.000 kez tekrarlanır,
5. Normal dağılıma dönüşüm oranı hesaplanır.

Bulgular: 10, 20, 30 ve 50 örneklem büyüklüklerine göre dönüşüm yöntemleri karşılaştırıldığında Box-Cox, Bickel-Doksum, Gpower, Modulus, Yeo-Johnson ve Dual dönüşüm yöntemleri diğer yöntemlere göre daha başarılı olup normalliğe dönüştürme başarı oranı %99 bandında yer almaktadır. Örneklem büyüklüğü 30 ve üzerinde iken Dual dönüşüm yönteminin diğer yöntemlere göre çoğu senaryo altında daha iyi performans verdiği görülmektedir.

Sonuç ve Tartışma: SW ile parametre kestirimi MLE yöntemine göre daha iyi sonuç verdiği görüldü. Örneklem büyüklüğü 30'un altında iken Box-Cox dönüşüm yönteminin diğer yöntemlere göre çoğu

senaryo altında daha iyi performans verdiği, örneklem büyüklüğü 30 ve üzerinde iken Dual dönüşüm yönteminin diğer yöntemlere göre çoğu senaryo altında daha iyi performans verdiği görüldü.



Şekil 1. Verinin Box-Cox dönüşümü uygulanmadan önceki (solda) ve sonraki (sağda) histogram ve Q-Q grafikleri.

n	Dönüşüm Yöntemi	Üstel Dağılım (θ)									
		$\theta = 0.01$		$\theta = 0.1$		$\theta = 0.5$		$\theta = 1$		$\theta = 100$	
		MLE	SW	MLE	SW	MLE	SW	MLE	SW	MLE	SW
30	Log	0,538	0,538	0,537	0,537	0,532	0,532	0,536	0,536	0,536	0,536
	Neglog	0,599	0,599	0,600	0,600	0,599	0,599	0,599	0,599	0,601	0,601
	Glog	0,544	0,544	0,542	0,542	0,538	0,538	0,542	0,542	0,542	0,542
	Reciprocal	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	Log Shift	0,677	0,686	0,675	0,685	0,674	0,683	0,673	0,682	0,676	0,686
	Box-Cox	0,992	0,994	0,991	0,994	0,990	0,992	0,992	0,994	0,991	0,993
	Bickel-Doksum	0,991	0,993	0,991	0,993	0,990	0,992	0,992	0,993	0,991	0,993
	gpower	0,991	0,993	0,991	0,993	0,990	0,992	0,992	0,993	0,990	0,993
	Modulus	0,991	0,992	0,991	0,992	0,989	0,991	0,991	0,993	0,989	0,991
	Yeo-Johnson	0,991	0,992	0,991	0,992	0,989	0,991	0,991	0,993	0,989	0,991
	Dual	0,993	0,994	0,993	0,994	0,992	0,993	0,994	0,995	0,992	0,993
	Square Root	0,888	0,888	0,890	0,890	0,887	0,888	0,888	0,888	0,886	0,886
Manly	NC	0,721	NC	0,715	NC	0,713	NC	0,722	NC	0,722	

n: Örneklem Büyüklüğü
MLE: En Çok Olabirlik Kestirimi
SW: Uyum İyiği Testi
NC: Dönüşüm Gerçekleşmedi

Tablo 1: 30 örneklem büyüklüğünde üstel dağılıma sahip verinin farklı dönüşüm yöntemleri ile normal dağılıma dönüşme yüzdeleri.

Gerçek Veri Uygulaması: R programında geliştirdiğimiz Transform paketi yükledikten sonra ilgili dönüşüm yönteminin fonksiyonu kullanılarak sonuçlar, aşağıda sunulan R kodlarıyla elde edilebilir.

```
R> library(MASS)
R> MASS::Cushings
R> Tetrahydrocortisone <- Cushings$Tetrahydrocortisone
R> shapiro.test(Tetrahydrocortisone)
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: Tetrahydrocortisone
## W = 0.6886, p-value = 2.702e-06
#install.packages("Transform")
R> library(Transform)
```

```
R> bcTransform(Tetrahydrocortisone, lambda = seq(-3,3,0.01),
lambda2 = NULL, plot = TRUE, alpha = 0.05, verbose = TRUE)
## Box-Cox power transformation
## -----
##
## lambda.hat : -0.13
##
## Shapiro-Wilk normality test for transformed data (alpha= 0.05)
## -----
## statistic : 0.9813912
## p.value : 0.8923337
##
## Result : Transformed data is normal.
## -----
```

Analiz 1. Kütüphane içerisinde yer alan örnek bir fonksiyon ile yapılan bir analizin çıktısına yer verilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Veri dönüşümü, Normal dağılım, İstatistiksel benzetim çalışması

Kaynaklar

- [1] Asar Ö, İlk O, Dag O. Estimating Box-Cox power transformation parameter via goodness-of-fit tests. Communications in Statistics-Simulation and Computation. 2017;46(1):91-105.
- [2] Dag O, Asar O, İlk O. A methodology to implement Box-Cox transformation when no covariate is available. Communications in Statistics-Simulation and Computation. 2014;43(7):1740-59.
- [3] Coskun Yildirim M, Dag O. Transform: An R Package for Statistical Transformations. Cran R-Project Org. 2023;1.

SB6

Model Değişken Önemlilik Skorları ve SHAP Değerleri ile Sıralanan Değişkenlerin Model Tahmin Performanslarına Etkilerinin Karşılaştırılması

Ahmet Kadir Arslan*, Cemil Çolak

İnönü Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, Malatya

* Sorumlu Yazar: arslan.ahmet@inonu.edu.tr

Amaç: Bu çalışmada, bazı makine öğrenmesi modelleri tarafından hesaplanan değişken önemlilik skorlaması bulguları ile model bağımsız değişken önemlilik skoru yaklaşımlarından olan SHAP (SHapley Additive exPlanations) değerlerine göre sıralanan değişkenlerin model sınıflandırma performansına katkılarının karşılaştırmalı olarak incelenmesi amaçlanmıştır.

Yöntem: Çalışmada, çeşitli senaryolar için simüle edilmiş, iki sınıflı yanıt değişkene sahip ve çoklu normal dağılıma uyan veri setleri kullanılmıştır. Bu veri setlerinde, kendi içinde değişken önemlilik hesaplaması yapan Random Forest, Extreme Gradient Boosting (XGBoost), LightGBM, Categorical Boosting (CatBoost) ve Explainable Boosting Machine (EBM) modelleri ile modelleme işlemi yapılmış ve değişken önemlilik skorları hesaplanmıştır. Daha sonra SHAP yaklaşımı ile tüm modeller için değişken önemlilik skorları hesaplanmıştır. Model tabanlı ve SHAP yaklaşımı ile sıralanan değişkenlerin ilk 5'i tekrar modelleme sürecine ayrı ayrı dahil edilerek sınıflandırma performansları karşılaştırılmıştır. Karşılaştırmalar, ikili sınıflandırma problemlerinde sıklıkla kullanılan 5 ölçüt ile değerlendirilmiştir. Tüm modelleme işlemleri Python (versiyon 3.11.5) yazılımı tabanlı Spyder IDE (versiyon 5.5.0) ortamında gerçekleştirilmiştir.

Bulgular: Genel olarak, model tabanlı olarak elde edilen değişken önemlilik skorlarına göre seçilen değişkenler ile elde edilen sınıflandırma performansının SHAP yaklaşımı ile elde edilen sınıflandırma performansından tüm modeller bazında daha iyi sonuçlar verdiği görülmektedir. Özellikle bağımsız değişken sayısının arttığı durumlarda bu durum daha belirgin hale gelmektedir.

Sonuç ve Tartışma: SHAP, hem değişken hem de gözlemlerin tahmin sonucuna olan katkısını ölçülebilir olarak sağlaması nedeniyle açıklanabilir makine öğrenmesi alanında sıkça kullanılan bir yaklaşımdır. Bununla birlikte çalışmamızdan elde edilen bulgular, değişken önemlilik düzeylerinin model tahmin performansına katkısının araştırılmasında model tabanlı skorlama yaklaşımının daha tercih sebebi olduğu sonucu çıkarılabilir. Ayrıca, sunduğu makul sınıflandırma performans, değişken önemlilik skorlarını vermesinin yanı sıra, gözlem tabanlı sınıflandırma katkı düzeylerini de vermesi dolayısıyla EBM modeli araştırmacılara önerilmektedir.

Anahtar Kelimeler: SHAP, değişken önemlilik skoru, sınıflandırma

Kaynaklar

[1] Breiman, L. (2001). Random forests. Machine learning, 45, 5-32.

[2] Chen, T., & Guestrin, C. (2016). Xgboost: A scalable tree boosting system. Proceedings of the 22nd acm sigkdd international conference on knowledge discovery and data mining,

[3] Ke, G., Meng, Q., Finley, T., Wang, T., Chen, W., Ma, W., Ye, Q., & Liu, T.-Y. (2017). Lightgbm: A highly efficient gradient boosting decision tree. Advances in neural information processing systems, 30.

[4] Lundberg, S. (2017). A unified approach to interpreting model predictions. arXiv preprint arXiv:1705.07874.

[5] Nori, H., Jenkins, S., Koch, P., & Caruana, R. (2019). Interpretml: A unified framework for machine learning interpretability. arXiv preprint arXiv:1909.09223.

[6] Prokhorenkova, L., Gusev, G., Vorobev, A., Dorogush, A. V., & Gulin, A. (2018). CatBoost: unbiased boosting with categorical features. Advances in neural information processing systems, 31.

SB7

Meme Kanseri Sınıflamasında Mamografi Görüntüleriyle Derin Öğrenme Yöntemlerinin Performanslarının Değerlendirilmesi

Betül DAĞOĞLU HARK^{1*}, Meryem GÖRAL YILDIZLI²

¹ Fırat Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı, Elazığ

² Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı, Adana

* Sorumlu Yazar: bdagoglu@firat.edu.tr

Amaç: Kadınlar arasında en sık teşhis edilen kanser türü olan meme kanseri, en ölümcül kanser türlerinden biridir. Hayati tehlike barındıran bu hastalığın erken teşhisi yalnızca sağ kalım oranını artırmakla kalmaz, aynı zamanda tedavi maliyetini de azaltır. Mamogramlar, erken meme kanseri taraması için en çok tercih edilen görüntüleme metodudur. Gerçek tanı sürecinde, görüntü kalitesi, radyolog uzmanlığı, meme yapısının karmaşıklığı gibi çeşitli faktörler kanserin doğru şekilde tespit edilebilmesini etkilemektedir. Bu sorunun üstesinden gelebilmek için Bilgisayar Destekli Tanı sistemleri geliştirilmiş ve mamogramlarda lezyon lokalizasyonunun tespiti ve sınıflandırması için özellikle Evrişimsel Sinir Ağları (CNN'ler) kullanılmıştır. Bu çalışmada, meme kanseri sınıflamasında kullanılan mamogram görüntülerinin, çeşitli CNN tabanlı transfer öğrenme modelleri ile sınıflandırılarak bu modellerin performanslarının değerlendirilmesi amaçlanmıştır.

Yöntem: Mamografi Görüntü Analizi Derneği'ne (<https://www.kaggle.com/kmader/mias-mammography>) ait olan MIAS veri seti, 63(%19.57) iyi huylu, 51(%15.84) kötü huylu ve 208(%64.60) normal sınıflamasında olan 1024 x 1024 piksellik 322 görüntü içermektedir. Çalışmada, batch boyutu 128 ve epoch 100 alınmış ve CNN tabanlı derin öğrenme yöntemleri olan VGG16, ResNet50 ve DenseNet121 yöntemlerinin meme kanseri sınıflamasındaki performansları doğruluk, duyarlılık, kesinlik ve F1 skoru değerleri kullanılarak sıralanmıştır.

Bulgular: VGG16 için doğruluk 0.9057, kesinlik 0.8722, duyarlılık 0.9167 ve F1 skoru 0.8921; ResNet50 için doğruluk 0.8873, kesinlik 0.8706, duyarlılık 0.8508 ve F1 skoru 0.8601; ve DenseNet121 için doğruluk 0.6941, kesinlik 0.6337, duyarlılık 0.6915 ve F1 skoru 0.6527 olarak elde edilmiştir. Elde edilen bulgulara göre VGG16 modelinin performansının diğer iki modele göre daha yüksek olduğu saptanmıştır.

Sonuç ve Tartışma: Son yıllarda birçok araştırmacı farklı sinir ağı sınıflandırıcılarını kullanarak meme kanseri sınıflamasında performans değerlendirmesine yönelik çalışmalar yapmışlardır. Hua Li ve arkadaşları (2019), DenseNet modelinin doğaçlama versiyonu olan 'Dense Net-II sinir ağı' adı verilen bir modeli önermiş ve mamogram görüntülerinden hareketle meme kanseri sınıflandırmasında doğruluk değerini 0.9455 olarak elde etmiştir. Bir diğer çalışma olan Levy D ve arkadaşları (2016), CNN mimarisini eğitmek için transfer öğrenme, verilerin ön işlenmesi ve artırmanın uygulanması gibi teknikleri kullanmışlardır. Çalışmalarında, sığ CNN, AlexNet ve GoogleNet gibi üç farklı CNN mimarisi eğitilmiş; bunların arasında GoogleNet modelinin 0.92'lik bir doğrulukla diğerlerine kıyasla daha iyi performans gösterdiğini ortaya koyulmuştur. Son olarak Mohapatra ve arkadaşları (2022) çalışmalarında AlexNet modelinin %65 doğruluk gösterdiğini, önceden eğitilmiş ağırlıklarla ince ayar yapıldığında VGG16 ve ResNet50 modellerinin ise sırasıyla %65 ve %61 doğruluk gösterdiğini bulmuşlardır. Bu çalışmada ise meme kanseri sınıflaması için VGG16, ResNet50 ve DenseNet121 modellerinin doğruluk değerleri sırasıyla %91, %89 ve %69 olarak elde edilmiştir. Sonuç olarak, VGG-16 modeli, mamografi analizinde kritik öneme sahip olan hatasız tanı oranını artırarak meme kanseri teşhisinde güvenilir ve etkili bir yardımcı araç olarak öne çıkmaktadır.

Anahtar Kelimeler: derin öğrenme, Evrişimsel Sinir Ağları, VGG16, ResNet50, DenseNet121, meme kanseri, mamogram

Kaynaklar

- [1] Li, H., Zhuang, S., Li, D. A., Zhao, J., & Ma, Y. (2019). Benign and malignant classification of mammogram images based on deep learning. *Biomedical Signal Processing and Control*, 51, 347-354.
- [2] Lévy, D., & Jain, A. (2016). Breast mass classification from mammograms using deep convolutional neural networks. *arXiv preprint arXiv:1612.00542*.
- [3] Mohapatra, S., Muduly, S., Mohanty, S., Ravindra, J. V. R., & Mohanty, S. N. (2022). Evaluation of deep learning models for detecting breast cancer using histopathological mammograms Images. *Sustainable Operations and Computers*, 3, 296-302.
- [4] Salama, W. M., & Aly, M. H. (2021). Deep learning in mammography images segmentation and classification: Automated CNN approach. *Alexandria Engineering Journal*, 60(5), 4701-4709.
- [5] Kim, Y. J., Yoo, E. Y., & Kim, K. G. (2021). Deep learning based pectoral muscle segmentation on Mammographic Image Analysis Society (MIAS) mammograms. *Precision and Future Medicine*, 5(2), 77-82.
- [6] Heenaye-Mamode Khan, M., Boodoo-Jahangeer, N., Dullull, W., Nathire, S., Gao, X., Sinha, G. R., & Nagwanshi, K. K. (2021). Multi-class classification of breast cancer abnormalities using Deep Convolutional Neural Network (CNN). *Plos one*, 16(8), e0256500.

SB8

Kontrastlı ve Dijital Mamografi Görüntülerinde Derin Öğrenme Tabanlı Modellerin Performanslarının Karşılaştırılması

Hanife Avci¹, Jale Karakaya^{1*}, Gamze Durhan², Figen Demirkazık², Meltem Gülsün Akpınar²

¹ Hacettepe Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 06230, Ankara, Türkiye

² Hacettepe Üniversitesi Tıp Fakültesi, Radyoloji Anabilim Dalı, 06230, Ankara, Türkiye

* Jale Karakaya: jalek@hacettepe.edu.tr

Amaç: Meme kanseri kadınlar arasında en yaygın görülen ve ölüme yol açabilen dünya çapında önemli bir sağlık sorunudur. Erken teşhis ve doğru tanı, hastalığın yönetimi açısından kritik öneme sahiptir. Ancak, çok sayıda kadının taramadan geçirilmesi gerekliliği ve testlerin tekrar edilmesi, iş yükünü artırmaktadır. Son yıllarda derin öğrenme ve bilgisayarlı görü teknolojilerinin ilerlemesi, yapay zekâ destekli sistemlerin meme kanseri teşhisinde radyologlara önemli katkı sağladığını göstermektedir. Özellikle Derin Evrişimsel Sinir Ağları (CNN), tıbbi görüntüleme uzmanlarla benzer performans göstermektedir. Bu doğrultuda, derin öğrenmeye dayalı bilgisayar destekli tespit ve tanı (CAD) sistemleri geliştirilmiştir. Mamografi, meme kanserinin tarama ve teşhisinde yaygın olarak kullanılan bir yöntemdir. Ancak, geleneksel mamografi (Full Field Digital Mammography, FFDM) bazı sınırlamalara sahiptir ve özellikle yoğun meme dokusuna sahip hastalarda küçük kitlelerin görünürlüğünü azaltabilir. Bu bağlamda, Kontrastlı Spektral Mamografi (CESM) gibi yeni teknolojiler, mamografinin sınırlamalarını aşmak amacıyla geliştirilmiştir. CESM'nin yeni bir teknoloji olması nedeniyle, bu alanda orijinal (gerçek) veri setlerine ve detaylı çalışmalara erişim sınırlıdır. Literatürde, CESM görüntülerinin CAD sistemleri ile sınıflandırıldığı geniş kapsamlı çalışmalar bulunmamaktadır. Çalışmanın amacı, CESM görüntülerinde derin öğrenme yöntemleri kullanarak tamamen otomatik bir CAD algoritmasının FFDM görüntülerinde de sınıflama performansını incelemektir. Ayrıca deneyler, CESM'nin otomatik yorumlanmasının etkinliğini araştırmak ve bunun meme kanseri tespitinin duyarlılığını FFDM'den daha fazla nasıl artırabileceğini göstermek için tasarlanmıştır. Bu çalışmada, derin öğrenme yöntemleri kullanılarak duyarlılık, seçicilik ve AUC ölçümleriyle CESM'nin meme kanseri tespitinde tek başına iyi performans gösterip göstermediği değerlendirildi.

Yöntem: Araştırma retrospektif olarak planlandı. Çalışmaya 01.01.2012 ile 01.11.2022 tarihleri arasında Hacettepe Üniversitesi Hastanesi Radyoloji Anabilim Dalına başvuran mamografi görüntüleri çekilen hastalar dahil edildi. YOLO-v1 algoritmasının performansı şu ana kadar 309 kontrastlı mamografi görüntüsü üzerinde incelendi. Görüntü işleme adımları ve sınıflandırma performansının değerlendirilmesi için Spyder ortamı (Keras ve Tensorflow ile) kullanıldı.

Bulgular: Başlangıçta anormal ve normal (normal=93 görüntü, iyi huylu=79 görüntü, kötü huylu=137 görüntü) toplam 309 kontrastlı spektral mamografi görüntüsünün YOLO-v1 algoritmasındaki performansı incelendi. Kontrastlı spektral mamografinin doğruluğu %82,65, duyarlılığı %75,69 ve seçiciliği %86,19 idi.

Sonuç ve Tartışma: Bu çalışma, YOLO-v1 modelinde 93 normal, 79 adet iyi huylu ve 137 kötü huylu kontrastlı spektral mamografi görüntüsü bulunmasına rağmen performans ölçümlerinin çok düşük olmadığını göstermiştir. Şu anda kodlar farklı CNN mimarilerinin kontrastlı ve kontrastsız mamografi görüntüleri üzerindeki performanslarını da karşılaştırılmak için çalıştırılmaktadır. Buna ek olarak, kontrastlı mamografi görüntüleri üzerinde değerlendirilen CNN mimarileri kontrastsız mamografi görüntüleri üzerinde de incelenecek ve kontrastlı ve kontrastsız mamografi görüntülerinin performansları karşılaştırılacaktır. Literatür ve klinik bilgiler ışığında kontrastlı spektral mamografi

görüntülerinin özellikle yoğun memelerde meme kanseri tanısında daha iyi performans göstereceğini öngörüyoruz.

Anahtar Kelimeler: Kontrastlı spektral mamografi, Bilgisayarlı görü, Bilgisayar destekli teşhis, Evrişimsel sinir ağları

Kaynaklar

[1] Alzubaidi, L., Zhang, J., Humaidi, A.J., Al-Dujaili, A., Duan, Y., Al-Shamma, O., ... Farhan, L. (2021). Review of deep learning: concepts, CNN architectures, challenges, applications, future directions. *Journal of Big Data*, 8 (53), 1-74.

[2] Iqbal, S., Qureshi, A.N. Ullah, A. Li, J. Mahmood, T. (2022). Improving the Robustness and Quality of Biomedical CNN Models through Adaptive Hyperparameter Tuning. *Applied Sciences*, 12 (22), 1-20.

[3] Jiao, Z., Gao, X., Wang, Y., Li, J. (2016). A deep feature based framework for breast masses classification. *Neurocomputing*, 197 (2016), 221-231.

SB9

Selecting Differentially Expressed Genes in Genomic Data Using the Length of ROC (L-ROC) Method

Ebru Öztürk^{1*}, Merve Başol Göksülük², Dinçer Göksülük³

¹ Hacettepe University, Faculty of Medicine, Department of Biostatistics, Ankara, Turkey

² Sakarya University, Faculty of Medicine, Department of Biostatistics, Kayseri, Turkey

³ Erciyes University, Faculty of Medicine, Department of Biostatistics, Kayseri, Turkey

* Corresponding Author: ebru.ozturk3@hacettepe.edu.tr

Introduction: Microarray and RNA sequencing (RNA-Seq) represent commonly utilized high-throughput methodologies within genetic data analysis, facilitating the identification of disease-associated genes, discerning various cancer subtypes, and enabling precise molecular diagnoses. The inherent nature of genomic data is characterized by its high dimensionality, encompassing numerous features, such as genes or gene regions, numbering in the thousands. Consequently, effective feature selection is imperative to mitigate model complexity, enhance modeling accuracy, and yield unbiased estimations aligned with clinical outcomes. This study aims to assess the feature selection performance of the length of ROC (L-ROC) method in RNA-Seq studies under various scenarios and compare its efficacy with frequently employed alternatives.

Methods: RNA-Seq data were preprocessed before downstream analysis, including the filtering the low counts, normalization, and transformation steps. We employed a variety of methodologies on preprocessed data to identify differentially expressed (DE) features, encompassing L-ROC [1], the area under the ROC curve (AUC), generalized area under the ROC curve (gAUC) [2], and negative binomial generalized linear models as implemented in the DESeq2 package [3]. To comprehensively evaluate the efficacy of these methods, we conducted a simulation study, wherein various parameters including sample sizes, rates of differential expression, number of features, and levels of overdispersion were systematically considered. The comparison of methods was based on the true detection rate of DE genes.

Results: The simulation results demonstrate that the L-ROC method exhibits comparable or slightly better performance in the identification of DE features under conditions of improper data structure. Moreover, its efficacy notably increases when confronted the increase of overdispersion. As expected, the true detection rates increase for all methods as the differential expression rate or sample size increases.

Conclusion: We have concluded that the L-ROC method emerges as a supportive tool for selecting DE features, particularly in improper data structures. It is worth noting that in the case of suspicion about improper data occurrence of such conditions in RNA-Seq data analysis, the applicability of the L-ROC method in this context becomes evident.

Keywords: RNA Sequencing, differential expression, genomic data, feature selection

References

[1] Franco-Pereira, A. M., Nakas, C. T., & Pardo, M. C. (2020). Biomarker assessment in ROC curve analysis using the length of the curve as an index of diagnostic accuracy: the binormal model framework. *AStA Advances in statistical analysis*, 104, 625-647.

[2] Martinez-Cambor, P., Corral, N., Rey, C., Pascual, J., & Cernuda-Morollon, E. (2017). Receiver operating characteristic curve generalization for non-monotone relationships. *Statistical methods in medical research*, 26(1), 113-123.

[3] Love, M. I., Huber, W., & Anders, S. (2014). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome biology*, 15(12), 1-21.

SB10

Makine Öğrenmesi Sınıflama Problemlerinde Örneklem Büyüklüğü Seçimi

Caner İNCEKAŞ^{1,2*}, Meriç Yavuz ÇOLAK¹, Atilla Halil ELHAN³

¹ Başkent Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

² Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

³ Ankara Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

* Sorumlu Yazar: canerincekas@baskent.edu.tr

Amaç: Makine öğreniminde (ML) yetersiz örneklem büyüklüğü ile yapılan çalışmalar verilerin aşırı uyumuna neden olabilir, ayrıca hatalı tahminler elde etme olasılığı da yüksektir. Örneklem büyüklüğündeki artış tahmin doğruluğunu artırır ancak belirli bir örneklem büyüklüğünden sonra tahmin doğruluğunda anlamlı bir değişime neden olmayabilir. Örneklem büyüklüğünü belirlemek için kullanılan etki büyüklüğü, ortalama, oran, standart sapma gibi istatistiklerin yanlış belirlenmesi ve deneysel ayrıntıların eksikliği nedeni ile yanlış olabilmektedir. Bu çalışmanın amacı, türetilmiş veri setleri kullanarak örneklem büyüklüklerinin, etki büyüklüğü ve ML yöntemlerinin sınıflama performansı üzerindeki etkilerini doğruluk ve F1 skoru ile değerlendirmektir.

Yöntem: Veri kümesi standart normal dağılımından türetilmiş olup bağımlı değişken iki sınıflıdır. ML yöntemleri olarak lojistik regresyon, destek vektör sınıflandırıcısı, karar ağacı, naive bayes, yapay sinir ağları ve rastgele orman modelleri kullanılmıştır. Bu yöntemlerinin sınıflama performansı genel doğruluk oranları ve F1 skorları ile incelenmiştir. Örneklem büyüklüğünün, etki büyüklüğü ile ML yöntemlerinin sınıflama performansı üzerinde etkili olabileceği varsayılmıştır. Örneklem büyüklüğü 16'dan başlayarak 2500'e kadar 100'er arttırılmıştır. Etki büyüklüğünün sınıflama performansı üzerindeki etkisini incelemek amacıyla, etki büyüklüğü üç gruba (küçük (≤ 0.2), orta (0.21-0.79) ve büyük (≥ 0.80)) ayrılmıştır. Ayrıca farklı veri kalitesi, özellik ve örneklem oranları durumlarında genel doğruluk oranı ve F1 skoru üzerindeki etkisi de incelenmiştir. Doğruluğu ölçmek için 10-fold CV yöntemi kullanılmıştır.

Bulgular: Etki büyüklüğü ve örneklem büyüklüğü arttıkça ML yöntemlerinin sınıflama doğruluk ve F1 ölçütlerinin arttığı ve varyansların küçüldüğü görülmektedir. Dengeli ve iyi veri kalitesine sahip veride küçük etki büyüklüğü aralığında sınıflandırıcıların genel doğruluk oranı zayıf olup örneklem büyüklüğü 150 ve üzerinde iken %40 ile %60 arasında değişim göstermiştir. Orta etki büyüklüğünde karar ağacı (%60-%70) ve rastgele orman (%75-%80) yöntemleri daha düşük genel doğruluk oranı ve F1 skoru vermiştir. Örneklem büyüklüğü 150 ve üzerinde iken diğer algoritmaların sınıflama başarısı %80'in üzerine çıkmıştır. Büyük etki büyüklüğünde ise küçük örneklem büyüklüklerinde bile karar ağacı algoritması dışında modellerin sınıflama başarısı %80'in üzerine çıkmıştır. Ayrıca, sınıflama başarısının %80'in üzerinde olması için özellik/örneklem oranının < 0.5 olması gerektiği sonucuna ulaşılmıştır. Makine öğrenmesi modellerinde örneklem büyüklüğü, uygun etki büyüklüklerine ($\geq 0,5$) ve ML doğruluğuna ($\geq \%80$) sahip olduğunda sonuçlar güvenilir kabul edilir. Bu çalışmada da örneklem büyüklüğü yaklaşık olarak 150 ve etki büyüklüğü %80'in üzerinde iken örneklem büyüklüklerindeki artış, sınıflama başarısını önemli ölçüde değiştirmeyeceği için fayda sağlamayacak ve böylece iyi bir maliyet-etkinlik oranı ortaya çıkacaktır.

Sonuç: Yeterli bir örneklem büyüklüğüne ulaşıldığında, çalışmaya daha fazla gönüllü alındığında modelin sınıflama başarısını önemli ölçüde etkilemeyecektir. Bu nedenle, çalışmanın güvenilir ve verimli sonuçlar üretebilmesi adına uygun bir örneklem büyüklüğü kritik öneme sahiptir. Ancak, özellikle makine öğrenimi performansını değerlendirme koşullarında örneklem büyüklüğünü

belirlemek için yeterli bir referans bulunmamaktadır. Bu çalışmanın seçilen örneklem büyüklüğünün bir çalışma için yeterliliğini değerlendirmede, bir kaynak olarak kullanılabilceği düşünülmektedir.

Anahtar kelimeler: Örneklem büyüklüğü, Makine öğrenmesi, Etki büyüklüğü, Özellik/Örneklem oranı, Doğruluk

Kaynaklar

[1] Rajput, D., Wang, W. J., & Chen, C. C. (2023). Evaluation of a decided sample size in machine learning applications. *BMC bioinformatics*, 24(1), 48.

[2] Vabalas, A., Gowen, E., Poliakoff, E., & Casson, A. J. (2019). Machine learning algorithm validation with a limited sample size. *PloS one*, 14(11), e0224365.

SB11

**Kronik Böbrek Hastalığı Teşhisinde Açıklanabilir Yapay Zeka Yaklaşımı: Karşıt Olgusal Açıklamalar
Yöntemi Uygulaması**

İpek Balıkcı Çiçek*, Fatma Hilal YAĞIN

İnönü Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı

* Sorumlu Yazar: ipek.balikci@inonu.edu.tr

Amaç: Kronik böbrek hastalığı (KBH), dünya genelinde önemli bir sağlık sorunu olarak karşımıza çıkmakta ve bu hastalığın erken teşhisi, hastaların yaşam kalitesini artırmak ve hastalığın ilerlemesini önlemek açısından kritik bir öneme sahiptir. Dünya Sağlık Örgütü (WHO) verilerine göre, KBH, dünya genelinde milyonlarca insanı etkilemekte ve bu durum, sağlık sistemleri üzerinde önemli bir yük oluşturmaktadır. Yapay zeka (YZ) teknolojilerinin tıbbi teşhis süreçlerinde kullanımı, son yıllarda giderek yaygınlaşmakta ve bu durum, sağlık hizmetlerinin kalitesini artırma potansiyeli taşımaktadır. Ancak, YZ modellerinin "kara kutu" yapısı, yani karar verme süreçlerinin şeffaf olmaması, klinisyenlerin ve hastaların bu modellere olan güvenini zedelemekte ve bu durum, YZ'nin tıbbi uygulamadaki etkinliğini sınırlamaktadır. Bu çalışmada, makine öğrenmesi (MÖ) modellerinin KBH tahminindeki etkinliğini artırmak ve bu tahminlerin arkasındaki nedenleri açıklamak amacıyla Açıklanabilir Yapay Zeka (XAI) tekniklerinden biri olan Karşıt Olgusal Açıklamalar Yöntemi (CEM) kullanılmıştır. Bu sayede hem doğru hem de anlaşılır bir teşhis sistemi oluşturulması amaçlanmıştır.

Yöntem: Bu çalışmada, 13 klinik ve laboratuvar parametresini içeren açık erişimli bir veri seti kullanılmıştır. Bu parametreler arasında kan basıncı, ölgül ağırlık, albümin, şeker, kırmızı kan hücreleri, kan üre, serum kreatinin, sodyum, potasyum, hemogloblin, beyaz kan hücresi sayısı, kırmızı kan hücresi sayısı ve hipertansiyon bulunmaktadır. Veri seti, KBH tanısı konmuş ve konmamış bireylerden oluşmakta olup, bu sayede modelin genel geçerliliği artırılmaktadır. Veriler, normalizasyon işlemi sonrasında eğitim (%80) ve test (%20) setlerine ayrılmıştır. Model geliştirme sürecinde TensorFlow ve Keras kütüphaneleri kullanılmıştır. KBH teşhisi için bir sınıflandırma modeli geliştirilmiştir. Modelin performansı, doğruluk, hassasiyet, seçicilik ve F1 skoru gibi metrikler kullanılarak değerlendirilmiştir. Model performansı değerlendirildikten sonra, CEM yöntemi uygulanmıştır. CEM, "İlgili Olumsuz" (PN) ve "İlgili Pozitif" (PP) olmak üzere iki tür açıklama üretmek için kullanılmıştır. Bu açıklamalar, seçilen test örnekleri üzerinde gösterilmiş ve sonuçlar görselleştirilmiştir.

Bulgular: Geliştirilen model, test setinde yüksek doğruluk oranları göstermiştir. Modelin doğruluk oranı %90'ın üzerinde bulunmuş, bu da modelin KBH tahminindeki etkinliğini ortaya koymaktadır. CEM analizi, modelin kararlarını etkileyen önemli faktörleri belirlemiştir. PN, hangi özelliklerin değiştirilmesiyle tahmininin değişeceğini gösterirken, PP, tahmini destekleyen minimum özellikleri belirlemiştir. Bulgular, hangi parametrelerin klinik uygulamalarda daha kritik olduğunu anlamaya yardımcı olmaktadır.

Sonuç ve Tartışma: Bu çalışma, yapay zeka modellerinin KBH teşhisinde etkili bir şekilde kullanılabileceğini ve CEM yöntemiyle bu modellerin kararlarının açıklanabileceğini göstermiştir. Geliştirilen yaklaşım, klinisyenlere daha şeffaf ve güvenilir bir karar destek sistemi sunmaktadır. Bu, hastaların daha iyi yönetilmesine ve tedavi planlarının optimize edilmesine katkıda bulunabilir. Gelecekteki çalışmalar, bu yöntemin daha geniş hasta popülasyonlarında ve farklı klinik senaryolarda değerlendirilmesini içermelidir.

Anahtar Kelimeler: Açıklanabilir Yapay Zeka, Kronik Böbrek Hastalığı, Karşıt Olgusal Açıklamalar, Klinik Karar Destek Sistemleri

SB12

Gestasyonel Diyabet Mellitus ve Preeklampsi Arasındaki Protein Farklılıklarının Belirlenmesi

Şeyma YAŞAR

İnönü Üniversitesi, Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi, Tıp Fakültesi, Malatya, Turkey
seyma.yasar@inonu.edu.tr.

Amaç: Preeklampsi ve gestasyonel diyabetin erken tanı ve tedavisi, hem anne hem de fetüs sağlığı açısından kritik öneme sahiptir. Preeklampsi, kontrol edilmediğinde ciddi hipertansiyona, organ yetmezliğine ve anne ölümlerine yol açabilir; ayrıca, erken doğum, düşük doğum ağırlığı ve plasenta sorunları gibi fetüsle ilgili komplikasyonlara da neden olabilir. Gestasyonel diyabet ise kontrolsüz bırakıldığında hem anne hem de bebekte uzun vadeli sağlık sorunlarına yol açar; bebekte aşırı kilolu doğum, solunum problemleri ve ilerleyen yaşlarda diyabet riski artarken, anne için de gelecekte tip 2 diyabet gelişme riski yükselir. Her iki durumda da patogenezi tam olarak anlayışamamış olsa da, preeklampside plasentanın damar gelişiminde bozukluk, endotel disfonksiyonu ve inflamasyonun rol oynadığı düşünülmektedir. Gestasyonel diyabette ise, gebeliğin neden olduğu hormonal değişikliklerin insülin direncini artırarak kan şekeri kontrolünü zorlaştırdığı bilinmektedir. Bu nedenle, her iki durumun da erken tanısı ve tedavisi, risklerin minimize edilmesine ve uygun beslenme, ilaç tedavisi ya da izlem stratejileri ile sağlıklı bir gebelik süreci geçirilmesine olanak sağlar. Bu çalışmanın amacı, gebelik sırasında ortaya çıkan ve hem anne hem de fetüs sağlığını tehdit eden, yüksek tansiyon ve şeker metabolizması bozukluğu ile karakterize edilen gebelik komplikasyonlarından preeklampsi ve gestasyonel diyabet hastalarında erken tanı ve tedavide kullanılabilecek olası proteom biyobelirteçleri ortaya koymaktır.

Yöntem: Çalışmada açık erişimli olarak ProteomeXchange Konsorsiyumundan PXD032981 kodu ile saklanan kütle spektrometresi proteomik verileri kullanılmıştır. Çalışmada, 6 gestasyonel diyabet (GDM), 6 preeklampsi (PE) ve 6 sağlıklı gebelikten alınan toplamda 18 plasental doku örneği Amerikan Diyabet Birliği (ADA) ve PE rehberine uygun olarak toplanmıştır. Protein konsantrasyonları BCA kitiyle ölçülmüş, proteinler peptid parçalarına ayrılarak ultra yüksek performanslı sıvı kromatografisi (UHPLC) ve kütle spektrometrisiyle analiz edilmiştir. Veriler MaxQuant yazılımı ile işlenmiştir. Veriler R programlama dili kütüphaneleri (wrProteo, rpx, STRINGdb, vb.) kullanılarak istatistiksel olarak analiz edilmiş ve volkano, MA grafiği, ısı grafiği ile görselleştirilmiştir.

Bulgular: Elde edilen istatistiksel analizler için katlanma değişim değeri (Fold Change) 1.5 olarak alındığında, GDM-Kontrol hastaları arasında istatistiksel açıdan anlamlı olarak farklı bir protein değişimi tespit edilemezken, GDM-PE hastaları arasında 221 proteinin istatistiksel açıdan anlamlı bir farklılık gösterdiği bulunmuşken, PE-Kontrol grupları arasında 204 proteinin istatistiksel açıdan anlamlı bir farklılık gösterdiği bulunmuştur.

Sonuç ve Tartışma: Çalışma sonucunda elde edilen bulgular ışığında, gestasyonel diyabet ve preeklampsinin patogenezinde yer alan temel moleküler mekanizmaların anlaşılmasına katkı sağlayarak, bu hastalıkların gelişiminde rol oynayan biyolojik süreçlerin daha iyi anlaşılmasını sağlamaktadır. Bu süreçlerin incelenmesi, GDM ve PE için spesifik biyomarkerlerin keşfi ve yeni tedavi stratejilerinin geliştirilmesi açısından önemli bir zemin oluşturmakta, böylece hastalığın erken teşhis ve müdahale imkanlarını artırabilecek potansiyel terapötik hedeflerin belirlenmesi hedeflenmektedir.

Anahtar Kelimeler: Etiketsiz proteomik analiz, Gestasyonel diyabet (GDM), Preeklampsi (PE), wrProteo.

SB13

Diferansiyel Gen Ekspresyon Analizi ile Hastalıkların Genetik Temellerinin Araştırılması: Açık Erişimli RNA-seq ve Mikroarray Verileri Üzerine Bir R Uygulaması

Zeynep Küçükakçalı

İnönü Üniversitesi, Tıp Fakültesi Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı
zeynep.tunc@inonu.edu.tr

Amaç: Bir organizmanın genlerinin ifade edilme düzeyi, genetik bilginin nasıl kullanıldığını ve organizmanın fonksiyonlarını nasıl etkilediğini belirleyen önemli bir faktördür. Gen ifadesinin düzeyi, organizmanın fizyolojik durumunu ve çevresel koşullara yanıtını etkileyerek, hücresel işlevlerin dinamik bir şekilde yönetilmesine olanak tanır. Bir hücre türü belirli genleri yüksek seviyelerde ifade ederken, başka bir tür aynı genleri düşük seviyelerde ifade edebilir. Bu farklılıklar, hücrelerin spesifik işlevler üstlenmesine yol açar. Diferansiyel ekspresyon analizi ise, farklı koşullar altında genlerin ifade düzeylerini karşılaştırmak için kullanılan bir yöntemdir. Bu analiz, genlerin belirli bir durumda (örneğin, hastalık, tedavi, çevresel değişiklikler) nasıl farklı şekilde ifade edildiğini anlamaya yardımcı olur. Bu çalışmanın amacı açık erişimli bir gen ifadesi veri setinde diferansiyel ekspresyon analizlerini gerçekleştirmek için R ile ardışık bir kod dizini geliştirmektir.

Yöntem: Çalışmada NCBI'dan temin edilecek bir hastalığa ait açık erişimli RNA-seq ve mikroarray verilerinden elde edilen gen ifade verileri kullanılacaktır. Analizlerde R programlama dilinde bulunan ve ifade analizine yardımcı olan limma paketi kullanılmıştır. Analizlerde yukarı regüle edilen genler $\log_2FC > 1$ eşiği kullanılarak tanımlanırken, aşağı regüle edilen genler $-\log_2FC < -1$ eşiği uygulanarak tanımlanmıştır. Ayrıca analiz çıktılarında p değeri, t değeri, B değeri (logaritmik olasılık) gibi istatistikler de yer almaktadır. Çalışmada kullanılan verilerin dağılımı kutu çizgi grafikleri ve ifade yoğunluğu grafikleri kullanılarak gösterilmiştir. İncelenen örnekler arasındaki karşılıklı ilişkileri görsel olarak temsil etmek için Tekdüze Manifold Yaklaşımı ve Projeksiyonu (UMAP) grafiği kullanılmıştır. Volkan grafiği hem yukarı regülasyon hem de aşağı regülasyon açısından farklı şekilde ifade edilen genlerin gösterilmesi amacıyla tercih edilmiştir. Bu grafiksel gösterim, diferansiyel ifade sergileyen genlerin hızlı bir şekilde tanımlanmasını kolaylaştırmaktadır.

Bulgular: Analiz sonucunda, veri setinde yer alan hastalık açısından farklılaşan (yukarı ve aşağı regülasyon gösteren) genler/gen kümeleri tanımlanmıştır. Sonuçlar istatistiksel olarak ve grafiksel olarak sunulmuştur. Volcan grafiği, genlerin \log_2 fold değişiklikleri ile p-değerlerini görsel olarak karşılaştırarak belirgin farklılıkları hızlı bir şekilde değerlendirmeyi mümkün kılmaktadır. Genel olarak, analiz ve sonuçların sunumu, hastalıklarla ilişkili genlerin daha iyi anlaşılmasına ve gelecekteki araştırmalara yön verecek önemli veriler elde edilmesine olanak tanımaktadır.

Sonuç ve Tartışma: Çalışma ile diferansiyel ekspresyon analizi yapımına olanak sağlayacak bir kod dizini oluşturulmuş ve var olan hastalık durumunda hangi genlerin ifade düzeylerinin değiştiği hangilerinin değişmediği belirlenmiştir. Belirlenen genlerin hastalık patogenezi ile ilişkili yolları ve mekanizmaları aydınlatmaya yardımcı olması beklenmektedir. Ayrıca elde edilen verilerin ileri boyut analizlerle birlikte hastalıkların erken tanısı, tedavi stratejilerinin belirlenmesi ve bireyselleştirilmiş tedavi yaklaşımlarının geliştirilmesi açısından potansiyel taşıdığı düşünülmektedir.

Anahtar Kelimeler: Gen ifadesi, diferansiyel ekspresyon, yukarı ve aşağı regüle

SB14

Tıp ve Sağlık Bilimlerinde Gizli Değişken Modellerine Yönelik Araştırma Eğilimleri: Web of Science Verilerine Dayalı Bibliyometrik Analiz

Meriç YAVUZ ÇOLAK¹, Murat KOÇAK², Ayşe YAVUZ DERMAN¹, Caner İNCEKAŞ¹

¹ Başkent Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Ana Bilim Dalı, Ankara, TÜRKİYE.

² Başkent Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Tıp Bilişimi Ana Bilim Dalı, Ankara, TÜRKİYE*

Sorumlu Yazar: meric@baskent.edu.tr

Amaç: Bu çalışmada, tıp ve sağlık bilimlerinde, gizli değişken modelleri üzerine yapılan yayınların eğilimlerini ve bibliyografik özelliklerini incelemek amaçlanmıştır. Gizli değişken modelleri tıp ve sağlık bilimlerinde kullanılan güçlü modeler olup özellikle gizli sınıf (Latent class), gizli faktör (latent factor), gizli regresyon (latent regression), gizli profil (latent profile), madde yanıt teorisi (item response theory), yapısal eşitlik modellemesi (structural equation modelling) ve daha yakın dönemde gizli ağaç (latent tree) analizleri ile karşımıza çıkmaktadır. Bu modeller, doğrudan gözlemlenemeyen ancak gözlemlenen değişkenler üzerinde etkisi olan gizli değişkenlerin anlaşılmasında önemli bir rol oynamaktadır. Hastalıkların erken teşhisi ve kişiselleştirilmiş tedavi yaklaşımlarının geliştirilmesi açısından büyük potansiyel sunmaktadırlar.

Yöntem: 1993-2023 yılları arasında tıp ve sağlık bilimleri alanında gizli değişken modelleri üzerine yapılan yayınlar, belirlenen anahtar kelimeler aracılığıyla taranmış ve Web of Science (WoS) veri tabanından elde edilmiştir. Analiz için Bibliometrix R Paketi Biblioshiny, WOSviewer ve Litmaps gibi bilimsel görselleştirme araçları kullanılmıştır. Yayınların eğilimleri, atıf sayıları, yazarların coğrafi dağılımı, öne çıkan dergiler gibi temel ölçütler; tanımlayıcı istatistikler, ağ analizi, konu analizi ve atıf analizi gibi bibliyometrik yöntemlerle değerlendirilmiştir. Ortak alıntı ağları, yazar işbirliği haritaları ve anahtar kelime birlikte oluşum analizleri yapılarak literatürdeki ilişkiler ve eğilimler görselleştirilmiştir. Sonuçlar mevcut literatür bağlamında yorumlanarak araştırma boşlukları belirlenmiş ve gelecekteki çalışmalar için öneriler sunulmuştur.

Bulgular: Belirlenen anahtar kelimeler ve kategoriler belirlenerek yapılan başlık-özet ve anahtar kelimeler taramasında 20160 yayın, sadece başlık taramasında ise 5559 yayının incelendiği çalışmada, 6205 farklı yazar ile 2711 dergide ve toplam 155 web of science kategorisinde yayınlar elde edilmiştir. En yaygın yayın türü makaleler (n=18.781) olup, en üretken yazarlar Miaskowski C (n=96), Vermunt JK (n=91) ve Morin, Alexandre J.S. (n=71) olarak belirlenmiştir. En aktif kurumlar ise Kaliforniya, Pennsylvania Commonwealth ve Harvard Üniversiteleri olmuştur. Önde gelen dergiler arasında Frontiers in Psychology, Journal of Affective Disorders ve International Journal of Environmental Research & Public Health bulunmaktadır. Yayınların yoğunlaştığı araştırma alanları psikiyatri, psikoloji ve sosyal psikoloji olmuştur. 201 macro alt konu belirlenmiş ve bunların içerisinde ilk 3 sırada “ebeveynlik”, “Madde-yanıt teorisi-İtem Response Theory” ve “travma sonrası stres bozukluğu (PTSD)” gelmiştir. Mikro atıf konuları arasında “ebeveynlik”, “travma sonrası stres bozukluğu (PTSD)”, “alkol”, “parametrik olmayan regresyon”, “fiziksel aktivite” ve “HIV prevalansı ve profilaksi” öne çıkmıştır. Yayın başına ortalama atıf sayısı 20,74’tür ve özellikle 2017 sonrasında yayınlarda kayda değer bir artış gözlenmiştir.

Sonuç ve Tartışma Gizli değişken modelleri, tıp ve sağlık bilimlerinde hastalıkların daha iyi anlaşılması, tedavi süreçlerinin etkinliğinin değerlendirilmesi ve toplum sağlığının iyileştirilmesi açısından önemli fırsatlar sunmaktadır. Bu modellerin daha yaygın kullanımı, sağlık araştırmalarının geleceği için kritik bir öneme sahiptir. Bibliyometrik analizler, gizli değişken modellerinin metodolojik gelişimini, yeni uygulama alanlarını ve uluslararası işbirliklerini ortaya koyarak, araştırmacılara kapsamlı bir

değerlendirme yapma olanağı sağlamaktadır. Çalışmanın sonuçları, bu alandaki bilgi birikimini derinleştirerek, gelecekte yapılacak araştırmalara ve bu alanda çalışacak bilim insanlarına önemli katkılar sunacaktır.

Anahtar Kelimeler: Gizli değişken, Gizli değişken modeller, Bibliyometrik analiz

SB15

Türkiye`de Adında “Yapay Zeka” Geçen Tıpta Uzmanlık Tezlerin Bibliyografik Verilerinin Değerlendirilmesi

Özlem ARIK

Kütahya Sağlık Bilimleri Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 43100, Kütahya, TÜRKİYE
ozlmarik88@gmail.com

Amaç: Çalışmanın amacı Türkiye’de yapılan tıpta uzmanlık tezleri arasında, adında “yapay zeka” bulunan tezlerin bibliyografik verilerinin değerlendirilmesiyle gelecekte planlanacak olan çalışmalara yön vermesini sağlamaktır.

Yöntem: Çalışmada, Yüksek Öğretim Kurulu Başkanlığı’nın Ulusal Tez Merkezi internet sitesinde yer alan kutucuklara “Aranacak Kelimeler: Yapay Zeka”, “Aranacak Alan: Tez Adı”, “Arama Tipi: İçinde Geçsin”, “Yıl:2000-2024”, “Tez Türü: Tıpta Uzmanlık”, “Grubu: Tıp”, “İzin Durumu: İzinli”, “Durumu: Onaylandı” şeklinde yazılarak tarama yapılmıştır [1]. Bu tarama sonucunda ulaşılan 48 tezin bibliyografik veri değerlendirilmesinin yapılması için IBM SPSS(Statistical Package for Social Sciences) Statistics 29 programı aracılığıyla veri formu oluşturulmuştur ve veriler analiz edilmiştir. Tezler; yapıldıkları yıl, şehir, üniversite, bölüm, anabilim dalı, danışman, öğrenci, etik kurul izin durumu, örneklem grubu, görüntü verisi, çözümlemede kullanılan yöntemler, performans ölçüleri, anahtar kelimeler ve kullanılan bilgisayar programı değişkenlerine göre değerlendirilmiştir.

Bulgular: Çalışmada 48 adet tıpta uzmanlık tezinin tam metnine ulaşılmıştır. Tıpta uzmanlık tezlerinin yayım yıllarına bakıldığında en fazla tezin 2024 yılında olduğu saptanmıştır. Tezlerin 16’sı (%33.3) İstanbul`da, 15’i (%31.3) Ankara`da gerçekleştirilmiştir. Büyük çoğunluğu olmak üzere 18’i (%37.5) Sağlık Bilimleri Üniversitesi’nde yapılmıştır. Tıp fakültelerinin dahili tıp bilimleri bölümlerine ait olan 28 (%58.3) tez, cerrahi tıp bilimleri bölümlerine ait olan ise 17 (%35.4) tez bulunmuştur. Sırasıyla en fazla tez radyoloji anabilim dalında (%22.9) ve acil tıp anabilim dalında (%10.4) yapılmıştır. Danışman öğretim üyeleri için erkek (%56.3) ile Prof. Dr. unvanı (%52.1) olanların sayısının daha fazla olduğu görülmüştür. Öğrenciler içerisinde erkeklerin (%68.8) oranı kadınlara (%31.2) göre daha fazla çıkmıştır. 44`ünün (%91.7) etik kurul izninin bulunduğu tezlerin çalışma verisi içerisinde görüntü verisinin bulunduğu tez sayısı 39 (%81.3) olarak elde edilmiştir. Çözümlemede kullanılan yöntemler arasında, sırasıyla ilk üçte yapay sinir ağları (%22.5), derin öğrenme (%14.1) ve random forest (%11.3) yer almıştır. Performans ölçüsü olarak 29 (%21) tezde doğruluk, 26 tezde (%18.8) duyarlılık kullanılmıştır ve en sık yararlanan iki ölçü olmuşlardır. “Yapay zeka” 36 tezde, “derin öğrenme” 10 tezde, “makine öğrenme” 9 tezde anahtar kelime olarak kullanılmıştır. Python programlama dili en çok kullanılan bilgisayar programı olmuştur.

Sonuç ve Öneriler: Araştırma sonuçlarına göre tezlerin büyük çoğunluğu İstanbul ile Ankara`da ve son üç yılda gerçekleşmiştir. Radyoloji anabilim dalında hazırlanan, erkek öğrencilerin hazırladığı, danışman öğretim üyesinin erkek ve Prof. Dr. olduğu tezlerin sayısının oldukça fazla olduğu görülmüştür. Ülkemizde yapay zeka alanında yapılan tıpta uzmanlık tezlerinin ve literatüre yayın olarak katkısının artırılması sağlık alanında önemli fayda sağlayacaktır.

Anahtar Kelimeler: Yüksek Öğretim Kurulu, Tıpta Uzmanlık, Yapay Zeka, Bibliyografik Veri

Kaynaklar

[1] Yüksek Öğretim Kurumu Başkanlığı; Ulusal Tez Merkezi <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/>
Erişme Tarihi: 09.10.2024.

[2] Diboğlu, D. & Eryılmaz, G. (2021). Zaman Yönetimi Konulu Lisansüstü Tezlerin Bibliyometrik Profili. *Mersin Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü e-Dergisi*, 5(1), 164-185.

[3] Yıldız, E., Yıldız, H., Alkan, S., & Arık, Ö.(2022). Türkiye`de Lokal Anestezi Konulu Yapılmış Lisansüstü Tezlerin Bibliyografik Analizi. *Abant Tıp Dergisi*, 11(2), 274-282.

[4] Değirmenciöğlü, G. & Gürer, M. (2024). Türkiye’de “Yeni Medya” İçerikli Lisansüstü Tez Çalışmaları Üzerine Bibliyometrik Bir Araştırma. *Akdeniz İletişim*, (44), 45-65.

SB16

Baş Çevresi İçin Pediatrik Büyüme Hızı Eğrilerinin Oluşturulması: Bir Simülasyon Çalışması

Eda ÇAKMAK¹, Eylem GÜL ATEŞ², Ferhat ÜNAL², Mehtap AKÇİL OK¹

¹ Başkent Üniversitesi Sağlık Bilimleri Fakültesi, Ankara

² Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Rektörlük, Ankara

* Sorumlu yazar: ferhat.unal2005@hotmail.com

Amaç: Büyüme hızı persentilleri, bir çocuğun belirli bir aralıktaki veya bir dizi dönem içerisindeki büyüme hızını değerlendirmek için kullanılır. Bu persentiller, özellikle hastalıkların erken tespit edilmesi ve yenidoğanların beslenme ile gelişim süreçlerinin takibinde önemli bir göstergedir. Baş çevresi ölçümleri, çocukların sağlıklı büyümesini izlemek ve makrosefali ile mikrosefali gibi durumları değerlendirmek açısından kritik bir rol oynar. Bu çalışmada, kız ve erkek çocukların 2, 3, 4 ve 6 aylık dönemlerdeki baş çevresi artış hızı ile ilgili persentil eğrilerinin simülasyon verileri kullanılarak oluşturulması amaçlanmıştır.

Yöntem: Simülasyon verisinin oluşturulmasında, Çakmak (2023) çalışmasından elde edilen kız ve erkek çocuklarına ait yaşa bağlı baş çevresi uzunluğu artış verileri temel alınmıştır. Bu çalışma kapsamında, gamlss.dist 6.1-1 paketi ve rNO() fonksiyonu kullanılarak 0-12 ay aralığındaki baş çevresi verileri üretilmiş ve her yaş dönemi için 500 birimlik örneklem oluşturulmuştur. Büyüme hızı standartlarının belirlenmesinde GAMLSS (Generalized Additive Model for Location, Scale, and Shape) yöntemi uygulanmış; model performansını değerlendirmek amacıyla GAIC (k = 3) değerleri incelenmiştir. Tüm analizler, R 4.1.2 sürümünde gamlss 5.4-1 paketi kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Bulgular: Yaşa bağlı baş çevresi uzunluğu simülasyon verileri kullanılarak, 0-12 aylık kız ve erkek çocukları için ayrı ayrı 2, 3, 4 ve 6 aylık dönemlere göre büyüme hızı eğrileri ile 3. ve 97. persentil aralığındaki referans değerler oluşturulmuştur. Model parametre kestirimleri 2, 3, 4 ve 6 aylık artışlar için kızlarda BCPE ($\lambda=0.80$, $sd_{\mu}=7.90$, $sd_{\sigma}=7$, $sd_{\nu}=2$, $sd_{\tau}=2$), BCPE ($\lambda=0.27$, $sd_{\mu}=7.57$, $sd_{\sigma}=5.83$, $sd_{\nu}=3.23$, $sd_{\tau}=4.48$), BCPE ($\lambda=0.08$, $sd_{\mu}=6.94$, $sd_{\sigma}=5.26$, $sd_{\nu}=3.62$, $sd_{\tau}=2$), BCCG($\lambda=0.46$, $sd_{\mu}=5.81$, $sd_{\sigma}=4.78$, $sd_{\nu}=3.45$); 2, 3, 4 ve 6 aylık artışlar için erkeklerde BCPE ($\lambda=0.45$, $sd_{\mu}=8.24$, $sd_{\sigma}=6$, $sd_{\nu}=4.79$, $sd_{\tau}=2$), BCPE ($\lambda=0.99$, $sd_{\mu}=7.55$, $sd_{\sigma}=6.28$, $sd_{\nu}=2$, $sd_{\tau}=3.31$), BCPE ($\lambda=0.95$, $sd_{\mu}=7.07$, $sd_{\sigma}=5.64$, $sd_{\nu}=3.24$, $sd_{\tau}=2$), BCCG($\lambda=0.99$, $sd_{\mu}=5.84$, $sd_{\sigma}=5.03$, $sd_{\nu}=3.84$) olarak elde edilmiştir.

Sonuç: Baş çevresi, çocuğun beyin gelişimi ve nörolojik sağlığı hakkında önemli bilgiler sunduğu için, diğer antropometrik ölçümlerden farklı olarak ayrı bir öneme sahiptir. Ancak, Türk çocuklarının baş çevresine ilişkin büyüme hızı eğrileri henüz oluşturulmamıştır. Bu eksikliği gidermek için büyük örneklemle boylamsal çalışmalar yapılması gerekmektedir. Bu çalışmadaki simülasyon verilerinden elde edilen büyüme hızı eğrilerinin, WHO standartları ile benzerlik gösterdiği gözlemlenmiştir. Gelecekte, gerçek veriler üzerinde yapılacak daha kapsamlı çalışmalar, büyüme dinamiklerini daha iyi anlamak için faydalı olacaktır.

Anahtar Kelimeler: Büyüme hızı, GAMLSS, Büyüme Persentilleri, Baş çevresi

Kaynaklar

[1] World Health Organization, WHO child growth standards: growth velocity based on weight, length and head circumference: methods and development. 2009, World Health Organization: Geneva.

[2] Çakmak, E., Pediatrik Büyüme Eğrilerinin Model Performanslarının GAMLSS Yöntemi ile İncelenmesi ve Kantil Regresyon Yöntemi ile Karşılaştırılması, Hacettepe Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Biyoistatistik Programı Doktora Tezi, Ankara, 2023.

[3] Elmali, F., Altunay, C., Mazicioğlu, M. M., Kondolot, M., Oztürk, A., & Kurtoglu, S. (2012). Head circumference growth reference charts for Turkish children aged 0-84 months. *Pediatric neurology*, 46(5), 307-311.

SB17

Ortak Gizli Sınıf Ağaç Yapısında Birden Fazla Boylamsal Yanıt Kullanımı

Ceren EFE SAYIN^{1*}, İlker ÜNAL²

¹ Sütçü İmam Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik ve Tıbbi Bilişim Anabilim Dalı, Kahramanmaraş, Türkiye

² Çukurova Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Adana, Türkiye

*Sorumlu Yazar: cesayin@ksu.edu.tr

Amaç: Bu çalışmada, ortak gizli sınıf ağaç yapısında kullanılan JLCT yönteminin veride birden fazla biyobelirteç ölçümü varlığında da kullanılabilmesi için geliştirilmesi ve sağlık alanından elde edilen bir veri kümesi üzerinde değerlendirilmesi amaçlanmıştır.

Yöntem: Sağlık alanında birçok çalışmada ortak değişkenlerin zamana bağlı olduğu görülmektedir. Ancak boylamsal ölçümlerin ve sağkalım yanıtının bir arada olduğu veri türlerinde ortak modelleme yapan ve genellikle tercih edilen SREM (Shared Random Effects Model) ve JLCM (Joint Latent Class Model) gibi yaklaşımlar, bahsedilen zamana bağlılık durumunu ele almada yetersiz olmaktadır. Bu yaklaşımlara alternatif olarak önerilen ağaç tabanlı bir yöntem olan JLCT (Joint Latent Class Trees) yöntemi, zamana bağlı ortak değişkenleri de kullanarak sağkalım verileri ile boylamsal verileri ortak modellemektedir. JLCT, diğer yöntemlerin varsaydığı ancak çoğunlukla ihlal edilen “ortak değişkenlerin zamandan bağımsız olması” problemini aşabilmektedir. R kütüphanelerinden *lcmm* içerisindeki PAQUID veri kümesinde bulunan üç boylamsal yanıt olan MMSE (Mini Mental State Examination), IST (Isaacs Set Test) ve BVRT (Benton Visual Retention Test) değişkenleri bir arada ele alınarak, JLCT yönteminin çoklu boylamsal yanıt varlığında kullanımı denenmiştir. Performans değerlendirmesinde MSE (mean square error) değerleri ve program çalışma süreleri (runtime) kullanılmıştır.

Bulgular: Bulgular ışığında farklı eşik değerlerinde BVRT skoru hem MSE hem de çalışma süreleri bakımından en iyi performansa sahip biyobelirteç olarak elde edilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Gizli sınıf analizi, Ortak modelleme, Sağkalım analizi, Boylamsal ölçümler, Ortak gizli sınıf ağaçları

SB18

COVID-19 İlişkili Akut İskemik İnmenin Nörogörüntüleme Yöntemleriyle Tespiti

Eylem GÜL ATEŞ^{1,2*}, Gökçen ÇOBAN³, Jale KARAKAYA²

¹ Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Kurumsal Büyük Veri Yönetim Koordinatörlüğü, Ankara, Türkiye.

² Hacettepe Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

³ Hacettepe Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Radyoloji Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

* Sorumlu Yazar: eylemgul@metu.edu.tr

Amaç: COVID-19 genellikle solunum sistemini etkileyen bir hastalık olarak bilinmekle birlikte, yapılan araştırmalar, enfekte bireylerde özellikle iskemik inme gibi ciddi nörolojik komplikasyonların ortaya çıkabileceğini göstermektedir. Bu çalışma, görüntü işleme ve makine öğrenmesi (ML) yöntemlerini kullanarak COVID-19 pozitif ve COVID-19 negatif hastaların beyin MR görüntülerini karşılaştırarak COVID-19'un akut iskemik inme (Aİİ) üzerindeki etkilerini belirlemeyi amaçlamaktadır. Ayrıca bu çalışma, COVID-19'un iskemik inme üzerindeki etkisini araştıran ilk radyolojik görüntüleme tabanlı çalışmadır.

Yöntem: Bu retrospektif çalışmada Mart 2020 ile Eylül 2021 tarihleri arasında Hacettepe Üniversitesi Hastanesi Radyoloji Bölümüne başvuran ve dahil edilme kriterlerini karşılayan hastaların MRG verileri kullanılmıştır. Radyolojik görüntüleme yöntemiyle Aİİ tanısı almış PCR testiyle COVID-19 negatif veya pozitif olduğu doğrulanan 57 hasta çalışmaya dahil edildi. Bu çalışmada, radyomik özelliklerin elde edilmesi, özellik seçimi ve sınıflandırma adımlarını bir araya getiren hibrit bir yöntem kullanıldı. Görüntü işleme adımlarından sonra elde edilen radyomik veriler farklı özellik seçim algoritmaları ile en önemli özellikler belirlenerek makine öğrenimi algoritmalarıyla sınıflandırıldı. Özellik seçim yöntemlerine göre sınıflandırıcıların performansları, Doğruluk, Dengeli Doğruluk, Duyarlılık, Seçicilik, F1 skor ve AUC gibi ölçütler kullanılarak karşılaştırılmıştır.

Bulgular: Makine öğrenimi sınıflayıcılarının performansı, farklı özellik seçim yöntemleriyle değerlendirildi. Recursive feature elimination (RFE) ve Boruta yöntemleri kullanıldığında daha yüksek performans elde edildi. RFE kullanıldığında, Yapay Sinir Ağları ve k-Nearest Neighbors (kNN) algoritmaları 0.87 AUC değerine ulaştı. Boruta ile daha az sayıda özellik seçildi ve kNN algoritmasıyla 0.86 AUC elde edildi. Bu bulgular, beyin MR görüntülerinden elde edilen radyomik özelliklerin, COVID-19 enfeksiyonu ile ilişkili ve ilişkisiz inmeleri ayırt etme potansiyeline sahip olduğunu göstermektedir.

Sonuç ve Tartışma: Önerilen hibrit yöntem, beyin MR görüntülerinden COVID-19 ile ilişkili iskemiye tespit etmede etkili olabileceği bulundu. Mevcut literatür COVID-19'un beyin üzerindeki nörolojik etkilerine dair sınırlı bilgi sunarken, bu çalışmanın bulguları COVID-19'un iskemik inme üzerindeki etkilerine dair yeni bilgiler sunmaktadır. Bu çalışmadan elde edilen bulgular, COVID-19'un akut iskemik inme üzerindeki etkilerini daha iyi anlamak ve bu konuda mevcut literatüre katkıda bulunmak açısından önemli bir bilgi sunmaktadır. Bu bilgiler ışığında, COVID-19 ile enfekte riskli hastalarda klinisyenlerin, uygun tedavi prosedürleri ve kardiyovasküler hastalık önleme stratejilerini dikkate alarak gelecekteki akut iskemi riskini azaltmaya yönelik adımlar atabileceğini düşündürmektedir. Bununla birlikte, bu sonuçların klinik uygulamalardaki etkilerini daha iyi değerlendirebilmek için daha geniş veri setleri ve daha geniş çaplı çalışmalar gereklidir.

Teşekkür: Bu çalışma Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK 2211-C Yurtiçi Öncelikli Alanlar Doktora Burs Programı) tarafından desteklenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Nörogörüntüleme, Görüntü işleme, Makine öğrenmesi, COVID-19, Akut iskemi

Kaynaklar

[1] Asadi-Pooya, A.A. and L. Simani, Central nervous system manifestations of COVID-19: A systematic review. *Journal of the Neurological Sciences*, 2020. 413: p. 116832.

[2] Liu, L., et al., Epidemiology, pathogenesis, and management of Coronavirus disease 2019-associated stroke. *Frontiers of Medicine*, 2024.

[3] Shoskes, A., et al., MRI of Cerebrovascular Injury Associated With COVID-19 and Non-COVID-19 Acute Respiratory Distress Syndrome: A Matched Case-Control Study. *Critical care medicine*, 2022. 50(11): p. 1638-1643.

[4] The Lancet, N., Long COVID: understanding the neurological effects. *The Lancet Neurology*, 2021. 20(4): p. 247.

SB19

PR Eğrileri için Alternatif Bir Öneri: Prevalans Düzeltmeli PR Eğrisi

İlker Ünal¹, H. Esin Ünal²

¹ Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim dalı, Adana

² Çukurova Üniversitesi Enformatik Bölümü, Adana

* Sorumlu yazar: ilkerun@cu.edu.tr

Sağlık alanındaki sınıflama işlemi sıklıkla tanı konması ve prognozun belirlenmesi gibi amaçlarla yapılmaktadır. Bu amaçlarla yapılan bir çalışmada bir tanı testinin başarısı incelenmek istendiğinde duyarlılık ve seçicilik gibi prevalanstan etkilenmeyen doğruluk ölçütleri kullanılır. Tanı testinin sayısal olması halinde bu değerler kullanılarak çizilen ROC eğrisi altında kalan alan değeri ile sınıflama başarısı ölçülür. Özellikle makine öğrenmesi algoritmalarının kullanım sıklığı artması ile bu algoritmaların önerildiği alanlarda sıklıkla kullanılan Precision (pozitif prediktif değer), Recall (duyarlılık), F ölçütü gibi ölçütlerin sağlık alanında da popülerliği artmıştır. Yine bu ölçütler kullanılarak çizilen PR eğrileri ile ikili sınıflama yapan ölçümlerin sınıflama başarısını ölçülebilmektedir. Ancak bilindiği üzere pozitif ve negatif prediktif değerler prevalanstan etkilenmektedir. Bu durumda da prevalansın dikkate alınmadığı bir çalışmadan hareketle hesaplanan doğruluk ölçütleri ile yapılacak sınıflama başarısı değerlendirmesinde yanlılık görülebilecektir. Bu çalışmada bu yanlılığı ortadan kaldırmak amacıyla standart PR eğrileri yerine ilk defa sunulan Prevalans Düzeltmeli PR Eğrilerinin kullanılması önerilmektedir. Önerilen yeni eğri ile mevcut eğri arasındaki üstünlükler ve farklılıklar sağlık alanında karşılaşılabilecek durumlar dikkate alınarak oluşturulmuş simülasyon senaryoları kullanılarak ortaya konmuştur. Yapılan değerlendirmeler sonucunda, PR eğrileri yerine prevalans düzeltmeli PR eğrilerinin kullanımı ile sınıflama başarısının daha yansız elde edildiği görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: PR eğrileri, Bayes teoremi, Prevalans etkisi

SB20

Sağlıklı Çocuklarda Yeni Nesil Sürekli Referans Aralığı Tahmini

Merve TÜRKEGÜN ŞENGÜL^{1*}, Didem DERİCİ YILDIRIM², Saniye BAŞAK OKTAY³

¹ Alanya Alaaddin Keykubat Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi ABD

² Mersin Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik ve Tıbbi Bilişim ABD

³ Alanya Alaaddin Keykubat Üniversitesi Tıp Fakültesi Tıbbi Biyokimya ABD

* Sorumlu Yazar: merveturkegun@gmail.com

Amaç: Tıbbi verilerde, birçok değişkenin zamanla ve koşullara göre sürekli değişmesi yaygındır. Sürekli referans aralığı (SRA), verilerin her bir zaman noktasında nasıl dağıldığını gösterir [1]. Bu çalışmada amacımız, yaşla birlikte hassas değişimlerin olduğu pediatrik popülasyonda serbest T4 (fT4) analiti için yeni nesil SRA hesaplamak ve aralıklı referans aralığı (ARA) ile karşılaştırmaktır.

Yöntem: Sürekli referans aralıklarının temel mantığı yaş açıklayıcı değişkenin sürekli yapısını koruyarak açıklayıcı değişken ile sonuç değişkeni arasındaki lineer olmayan ilişkileri dikkate alıp her yaş değeri için ayrı referans aralığı oluşturmaktır. Bunun için yeni nesil yöntemlerden konum, ölçek ve şekil parametreleri için genelleştirilmiş eklemeli modeller (Generalized Additive Models for Location, Scale, and Shape; GAMLSS) ile Lambda, Mu ve Sigma (LMS) tabanlı istatistik modeller kullanılmıştır. GAMMLSS modellerden farklı katkı terimlerine ve özelliklere sahip; spline, polinomiyal ve karar ağaçları (KA) yöntemleri ele alınmıştır. KA dışındaki yöntemler sürekli referans aralığı hesaplamada kullanılmıştır. KA ise ARA oluşturmak amacıyla kullanılmıştır. Çalışmada hem farklı yöntemlerle hesaplanan SRA'larının model performansları hem de yeni nesil SRA'larının ARA'ya göre başarısını göstermek amacıyla SRA ve ARA'nın model performansları Akaike Bilgi Kriteri (AIC), Bayesçi Bilgi Kriteri (BIC) ve Genelleştirilmiş Akaike Bilgi Kriteri (GAIC) ile karşılaştırılmıştır. Çalışmada, Alanya Alaaddin Keykubat Üniversitesi Tıp Fakültesi Eğitim ve Araştırma Hastanesi Tıbbi Biyokimya laboratuvarından alınan 1648 sağlıklı yenidoğan ve çocuklara ait serbest T4 değerleri kullanılmıştır.

Bulgular: Harris-Boyd yöntemi ile cinsiyet ayrımının yapılmasının gerekli olmadığı tespit edilmiştir. Sonuçlara göre fT4 değerleri için hesaplanan AIC, BIC ve GAIC değerleri sırasıyla LMS için (-1376.79;-1274.205; -1357.819), GAMLSS (p-spline) için -1240.994; -1108.985; -1216.581, GAMLSS (3.dereceden polinomiyal) için -1037.526;-994.268;-1029.526, GAMLSS (4. dereceden polinomiyal) için -1093.886; -1039.813; -1083.886 ve GAMLSS (KA) için -1288.291; -1228.811; -1277.291 olup SRA için en başarılı yöntem LMS'dir. LMS ve GAMLSS (KA) karşılaştırmasında SRA'nın ARA karşısındaki model performansının daha başarılı olduğu görülmüştür.

Sonuç ve Tartışma: Sonuçlarımız, yeni nesil sürekli referans aralık hesaplama yöntemlerinin aralıklı referans aralık hesaplama yöntemine göre daha hassas olduğunu göstermiştir. Büyüme ile birlikte değişim gösteren serbest T4 analitinin belirli yaş aralıklarından ziyade her yaş değeri için değerlendirilmelidir. Sağlık alanında SRA'lar analit değerlerinin belirli bir aralığın içinde olup olmasına bakmadan sürekli yapıda bir değerlendirme yapar. ARA'da ortaya çıkabilen bilgi kayıplarını, bireysel farklılıkları ortadan kaldırarak kişiselleştirilmiş sonuçlar verir. [2,3]. Özellikle pediatri, gebe ve yaşlı gibi hassas ve özel popülasyonlarda SRA kullanımının önemli olduğu düşünülmektedir.

Anahtar Kelimeler: [Sürekli Referans Aralığı, Aralıklı Referans Aralığı, GAMLSS, LMS, Serbest T4]

Kaynaklar

[1] Ammer T, Schützenmeister A, Prokosch H.U, et al. (2023). A pipeline for the fully automated estimation of continuous reference intervals using real-world data. *Sci Rep*,13(1),13440.

[2] Zierk J, Hirschmann J, Toddenroth D, et al (2019). Next-generation reference intervals for pediatric hematology. *Clin Chem Lab Med*,57(10), 1595–1607.

[3] Higgins V, Adeli K. (2018). Advances in pediatric reference intervals: from discrete to continuous. *J Lab Precis Med* 3:3.

SB21

Gerçek ve Benzetim Verileri ile Genel Bir Bakış: Boylamsal Verilerde GEE mi QLS mi Daha Etkin?

Erdoğan ASAR^{1*}, Tunçer Türkoğlu², Ünal Parlak², Can Çokçalışkan², Erdem Karabulut³

¹ Sağlık Bilimleri Üniversitesi, Gülhane Tıp Fakültesi, Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, Ankara

² Tarım ve Orman Bakanlığı, Şap Enstitüsü, Ankara

³ Hacettepe Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara

* Sorumlu Yazar: erdo6718@gmail.com

Amaç: Bu çalışmada, veterinerlik alanındaki uygulamalardan elde edilen veriler kullanılarak gerçekleştirilen bir benzetim çalışması ile Genelleştirilmiş Kestirim Eşitlikleri (Generalized Estimating Equations-GEE) ve Yarı En Küçük Kareler Regresyonu (Quasi-Least Squares Regression-QLS) yöntemlerinin model etkinliklerinin karşılaştırılması amaçlanmıştır.

Yöntem: Çalışmada ilk olarak, veterinerlik alanındaki gerçek veriler kullanılarak dört antikor düzeyi (yanıt değişkenleri) üzerinde zaman ve grup değişkenlerinin etkileri GEE ve QLS kullanılarak incelenmiştir. Bu kapsamda, her biri 10 birimden (hayvan) oluşan iki grup (çift emülsiyonlu şap hastalığı aşısı uygulanan grup ve tek emülsiyonlu şap hastalığı aşısı uygulanan grup) için 14 farklı zamandaki antikor düzeylerinin tekrarlı ölçümleri elde edilmiştir. Bu veriler üzerinde GEE ve QLS yöntemleri kullanılarak veri analizleri yapılmıştır. Bu yöntemlerin uygulanmasıyla elde edilen parametreler ile 3 farklı korelasyon yapısı (Değiştirilebilir-Exchangeable, Birinci Dereceden Otoresif-The First-Order Autoregressive (AR-1), Markov) ve 3 farklı korelasyon değeri (0,5, 0,7, 0,9) kullanılarak 1000 tekrarlı 9 veri seti üretilerek bir benzetim çalışması yürütülmüştür. Üretilen 9 veri setine üç farklı korelasyon yapısı uygulanarak toplamda 27 farklı durum için GEE ve QLS modellerinin sonuçları elde edilerek değerlendirilmiştir. Daha sonra, GEE ve QLS yöntemlerinden elde edilen zaman ve grup değişkenlerine ilişkin regresyon katsayılarının etkinlik hesaplamaları yapılmıştır.

Bulgular: Veterinerlik alanına ilişkin gerçek veriden elde edilen sonuçlar, QLS yönteminde kullanılabilen "Markov Korelasyon Yapısı"nın bu yöntemde kullanılan tüm korelasyon yapıları arasında en yüksek korelasyon değerini aldığını ortaya koymuştur. Ayrıca, oluşturulan GEE ve QLS modelleri, tüm yanıt değişkenleri için grup değişkeni olan iki aşı türünün önemli olduğunu, zaman değişkeninin ise anlamlılığının yanıt değişkenine ve korelasyon yapısına bağlı olarak değiştiğini göstermiştir. Benzetim çalışmasıyla 27 durumlu QLS ve GE modellerine göre elde edilen regresyon katsayılarının her biri için hesaplanan etkinlik değerlerine bakıldığında, genel olarak GEE'nin hata kareler ortalamasının QLS hata kareler ortalamasına oranının 1 değerinden büyük olduğu görülmüştür.

Sonuç ve Tartışma: Gerçekleştirilen benzetim çalışmasında QLS yöntemi ile elde edilen regresyon katsayılarının kestirim etkinliklerinin genel olarak GEE'den daha üstün olduğu görülmüştür. Ayrıca, elde edilen bu sonuçların daha iyi karşılaştırılabilmesi, Markov Korelasyon Yapısı'nın QLS'de olduğu gibi GEE'de de uygulanabilir hale getirilmesi ile mümkün olacaktır. Bu durumun yapılan yorumların daha sağlıklı olmasına katkı sağlayacağı açıktır.

Anahtar Kelimeler: Genelleştirilmiş kestirim eşitlikleri, yarı en küçük kareler regresyonu, Markov Korelasyon Yapısı, şap hastalığı, aşı.

Kaynaklar

[1] Shults, J., J.M. Hilbe. (2014). *Quasi-Least Squares Regression*. New York: Taylor&Francis Group.

- [2] Hedeker, D., R.D. Gibbons. (2006). *Longitudinal Data Analysis*. New Jersey: John Wiley & Sons, Inc.
- [3] Hardin, J.W., J.M. Hilbe. (2013). *Generalized Estimating Equations*. 2nd ed. New York: Taylor&Francis Group.
- [4] Agresti, A. (2007). *An Introduction to Categorical Data Analysis*. 2nd ed. New Jersey: John Wiley & Sons, Inc.
- [5] Alpar, R. (2017). *Çok Değişkenli İstatistiksel Yöntemler*. 5th ed. Ankara.: Detay Yayıncılık.
- [6] Kim, H., J. Shults. (2010). %QLS SAS Macro: A SAS Macro for Analysis of Correlated Data Using Quasi-Least Squares. *Journal of Statistical Software*, 35(2), 1-22. doi:10.18637/jss.v035.i02.
- [7] Alpar R. (2016). *Uygulamalı İstatistik ve Geçerlik-Güvenirlik*. 4th ed. Ankara, Turkey: Detay Yayıncılık.
- [8] Davis, C.S.(2002). *Statistical Methods for the Analysis of Repeated Measurements*. New York:Springer-Verlag.
- [9] Wang M. (2014). Generalized Estimating Equations in Longitudinal Data Analysis: A Review and Recent Developments. *Advances in Statistics*, 303728: 1-11. doi: 10.1155/2014/303728.
- [10] Shults J, Ratcliffe SJ, Leonard M. (2006). Improved generalized estimating equation analysis via xtqls for implementation of quasi-least squares in Stata. *Upenn Biostatistics Working Papers*, 13: 1-21.
- [11] Ziegler A. (2011). *Generalized Estimating Equations*. New York, USA: Springer.
- [12] Liu, T., Z. Bai, and B. Zhang. (2014). Weighted Estimation Equation: Modified GEE in Longitudinal Data Analysis. *Front Math China*, 9(2): 329-353. doi:10.1007/s11464-014-0359-5.
- [13] Pan, W., J. E. Connett. (2002). Selecting The Working Correlation Structure in Generalized Estimating Equations With Application To The Lung Health Study. *Statistica Sinica*, 12(2): 475-490.
- [14] Barnett, A.G., N. Koper, A.J. Dobson, F. Schmiegelow, and M. Manseau. (2010). Using Information Criteria to Select the Correct Variance-Covariance Structure for Longitudinal Data in Ecology. *Methods in Ecology and Evolution*, 1: 15-24. doi:10.1111/j.2041-210X.2009.00009.x.
- [15] Pan, W. (2001). Akaike's Information Criterion in Generalized Estimating Equations. *Biometrics*, 57: 120-125. doi:10.1111/j.0006-341x.2001.00120.x.
- [16] Hin, L.Y., Y. G. Wang. (2009). Working-Correlation-Structure Identification in Generalized Estimating Equations. *Statist. Med.* 28(4): 642–658. doi:10.1002/sim.3489.
- [17] Rotnitzky, A., N. P. Jewell.(1990). Hypothesis Testing of Regression Parameters in Semiparametric Generalized Linear Models for Cluster Correlated Data. *Biometrika*, 77(3): 485-497. doi:10.2307/2336986.
- [18] Xie, J., J. Shults. (2009). Implementation of Quasi-Least Squares With The R Package Qlspack. *UPenn Biostatistics Working Papers*, 32: 1-19.
- [19] Chaganty, N.R. (1997). An Alternative Approach to the Analysis of Longitudinal Data via Generalized Estimating Equations. *Journal of Statistical Planning and Inference*, 63: 39-54. doi:10.1016/S0378-3758(96)00203-0.
- [20] Shults, J.,N.R. Chaganty. (1998). Analysis of Serially Correlated Data Using Quasi-Least Squares. *Biometrics*, 54(4): 1622-1630. doi:10.2307/2533686.

- [21] Chaganty, N.R., J. Shults. (1999). On Eliminating the Asymptotic Bias in the Quasi-Least Squares Estimate of the Correlation Parameter. *Journal of Statistical Planning and Inference*, 76: 145-161. doi:[10.1016/S0378-3758\(98\)00180-3](https://doi.org/10.1016/S0378-3758(98)00180-3).
- [22] Shults, J, A. L.Morrow. (2002). Use of Quasi-Least Squares to Adjust for Two Levels of Correlation. *Biometrics*, 58(3): 521-530. doi:[10.1111/j.0006-341x.2002.00521.x](https://doi.org/10.1111/j.0006-341x.2002.00521.x).
- [23] Shults, J. (2015). Quasi-Least Squares Fitting. *WIREs Comput Stat.* 7: 194-204. doi:[10.1002/wics.1349](https://doi.org/10.1002/wics.1349).
- [24] Shi, G., N. R. Chaganty. (2004). Application of Quasi-Least Squares to Analyse Replicated Autoregressive Time Series Regression Models. *Journal of Applied Statistics*, 31(10): 1147-1156. doi:[10.1080/0266476042000285530](https://doi.org/10.1080/0266476042000285530).
- [25] Smith, T., B. Smith. (2018). Proc Genmod with GEE to Analyze Correlated Outcomes Data Using SAS. Accessed March 29, 2019. <https://www.lexjansen.com/wuss/2006/tutorials/TUT-Smith.pdf>.
- [26] de Los Santos T, Diaz-San Segundo F, Rodriguez LL. (2018). The need for improved vaccines against foot-and-mouth disease. *Curr Opin Virol.* 2018 Apr;29:16-25. doi: 10.1016/j.coviro.2018.02.005. Epub 2018 Mar 12. PMID: 29544088.
- [27] Barnett PV, Pullen L, Williams L, Doel TR. (1996). International bank for foot-and-mouth disease vaccine: assessment of Montanide ISA 25 and ISA 206, two commercially available oil adjuvants. *Vaccine.* Sep;14(13):1187-98. doi: 10.1016/s0264-410x(96)00055-2. PMID: 8961504.
- [28] Anonymous. (2018). International Committee. Biological Standards Commission. International Office of Epizootics (WOAH). Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals: Mammals, Birds, and Bees. Renouf Publishing Co. Ltd.; Ottawa, ON, Canada: 2018. [(accessed on 5 December 2023)]. pp. 433 464.
- [29] Erdoğan, B.D. (2012). *Çoklu atama yöntemlerinin rasch modelleri için performansının benzetim çalışması ile incelenmesi*. PhD diss., Ankara Üniversitesi.
- [30] Hicks, C.R. (2009). *Deney Düzenlemede İstatistiksel Yöntemler*. Trans. Z. Muluk, Ö. Toktamış, E. Karaağaoğlu, S. Kurt. 2nd. ed. Ankara: Gazi.
- [31] Asako Takanohashi , Mohamad-Gabriel Alameh, Sarah Woidill, Julia Hacker, Benjamin Davis, Guy Helman, Francesco Gavazzi, Laura Adang, Russell D'Aiello, Patrick Winters, Devon Cordova, Taibeen Khandaker, Houping Ni , Ying Tam, Paulo Lin, Drew Weissman, Justine Shults, Adeline Vanderver. (2022). SARS-CoV-2 mRNA-based vaccines in the Aicardi Goutières Syndrome. *Molecular Genetics and Metabolism*,137, 320–327. Doi:[10.1016/j.ymgme.2022.10.001](https://doi.org/10.1016/j.ymgme.2022.10.001)
- [32] Adang at al., Francesco Gavazzi, Russell D'Aiello, David Isaacs, Nowa Bronner, Zehra Serap Arici, Zaida Flores, Amanda Jan, Carly Scher, Omar Sherbini, Edward M. Behrens, Raphaela Goldbach-Mansky, Timothy S. Olson, Michele P. Lambert, Kathleen E. Sullivan, David T. Teachey, Char Witmer, Adeline Vanderver, Justine Shults. (2022). Hematologic abnormalities in Aicardi Goutières Syndrome. *Molecular Genetics and Metabolism*, 136, 324–329. Doi:[10.1016/j.ymgme.2022.06.003](https://doi.org/10.1016/j.ymgme.2022.06.003).

SB22

Klasik Test Teorisi ile Genellenebilirlik Kuramı'nın Karşılaştırılması: Koç Üniversitesi OSCE Örneği

Mert Veznikli¹, Zeynep Seda Uyan², Mehmet Gökhan Gönenli³, Erdem Gönüllü⁴, Arzu Baygöl Eden^{1*}

¹ Koç Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı

² Koç Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Pediatri Anabilim Dalı

³ Koç Üniversitesi, Tıp Fakültesi, İç Hastalıkları Anabilim Dalı

⁴ Koç Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Çocuk Göğüs Hastalıkları Bilim Dalı

* Sorumlu Yazar: abaygul@ku.edu.tr

Amaç: Ölçmenin değerlendirilmesinde sıklıkla kullanılan ancak hata kaynakları genellikle tek boyutlu olarak ele alındığı için ölçüm sonuçlarının güvenilirliğini etkileyen çoklu hata kaynaklarının göz ardı edildiği (Brennan, 2001) Klasik Test Teorisi (KTT) üst başlığında yer alan Cronbach Alpha katsayısı yöntemini(Cronbach, 1951) , Genellenebilirlik Kuramı (G-Kuramı) ile karşılaştırmak, G-Kuramının KTT'ye kıyasla üstünlüklerini irdelemek.

Yöntem: Bu çalışmada Koç Üniversitesi Tıp Fakültesi 4. Sınıf öğrencilerine uygulanan Objektif Yapılandırılmış Klinik Sınav (Objective Structured Clinical Examination-OSCE) sonuçları kullanılarak, Klasik Test Teorisi (KTT) ve Genellenebilirlik Kuramı (G-Kuramı) ölçme güvenirliliği açısından karşılaştırılmıştır. Ölçümler 100 puan üzerinden bir kontrol listesi üzerinden ve daha sübjektif olarak değerlendiriciler tarafından puanlanan 5'lik bir likert ölçeği ile puanlandırılarak yapılmıştır. İki değerlendirme yöntemi arası güvenilirlik, KTT kapsamında yaygın olarak kullanılan Cronbach Alpha katsayısı, G-Kuramı'nın sunduğu çok boyutlu hata kaynakları analizi ile elde edilen G ve Phi atsayıları ile kıyaslanmıştır.

Araştırma Düzeni

Bu çalışma, betimsel ve karşılaştırmalı bir araştırma düzeninde yürütülecektir. Araştırma, Koç Üniversitesi Tıp Fakültesi 4. sınıf öğrencilerine; İç Hastalıklar, Kadın Doğum, Çocuk Sağlığı ve Genel Cerrahi alanlarında uygulanan Objektif Yapılandırılmış Klinik Sınav (OSCE) sonuçları üzerinden yapılmıştır. Çalışma, 2 ana bölümden oluşacaktır:

a. Klasik Test Teorisi (KTT) Yaklaşımıyla Güvenirlik Analizleri:

- Cronbach Alpha Katsayısı

İç tutarlılığı ölçen bu katsayı, testin tüm maddelerinin birbiriyle ne kadar tutarlı olduğunu gösterir. Değer 0 ile 1 arasında değişir; 0.70 ve üzeri değerler genellikle kabul edilebilir olarak değerlendirilir(Cortina, 1993). KTT'nin temel ilkeleri, her bireyin gözlemlenen puanının, bir gerçek puan ve hata puanının toplamı olduğu varsayımına dayanır (Novick, 1966). Ayrıca KTT'nin temel ilkeleri, her bireyin gözlemlenen puanının, bir gerçek puan ve hata puanının toplamı olduğu varsayımına dayanır(Novick, 1966).

b. Genellenebilirlik Kuramı (G-Kuramı) ile Güvenirlik Analizleri:

- G Katsayısı
- Phi Katsayısı

G katsayısı, görelî kararlar için hesaplanırken; Phi katsayısı mutlak kararlar için kullanılır. Bu katsayılar, ölçme durumundaki değişkenlik kaynaklarının etkisini analiz etmekte kullanılır(Atılğan, 2005). 0.80 veya üzeri bir G katsayısı, değerlendirme puanlarının yüksek genellenebilirliğini ifade eder ve güvenilir

bir özellik ölçüsünü yansıtır(Medvedev et al., 2018). 0.70 üzerindeki Phi katsayıları da kabul edilir seviyededir(Kocaoğlu & Şahin, 2024).

KTT ve G-Kuramı'nın Karşılaştırılması

Hata Kaynaklarının Çeşitliliği: KTT'nin tek hata kaynağı varsayımına karşılık G-Kuramı'nın birden fazla hata kaynağını nasıl modellediği gösterilmiştir. G-Kuramı, puanlayıcılar, zaman, test formu gibi birçok potansiyel hata kaynağını eş zamanlı olarak değerlendirir. Bu sayede, her bir hata kaynağının ölçme sonuçları üzerindeki etkisi daha iyi anlaşılır(Webb, 1991).

Güvenirlilik Katsayılarının Kapsamı: KTT ile elde edilen güvenirlilik katsayıları ile G-Kuramı'nın sunduğu Genellenabilirlik ve Phi katsayıları karşılaştırılmış ve G-Kuramı'nın esnekliği vurgulanmıştır.

Analiz Derinliği: G-Kuramı kapsamında yapılan varyans bileşenleri analizi sonuca elde edilen G ve Phi katsayıları sayesinde, ölçme hatalarının nasıl daha detaylı bir şekilde ele alındığı ve karar verme sürecinde sağladığı faydalar incelenmiştir.

Bulgular: İç hastalıklar dalında yapılan sınavda, görevler arası uyum G ve Phi katsayıları için sırasıyla 0,91 ve 0,87 olarak hesaplanırken CA için 0,43 olarak hesaplandı. Bunun sebebinin örneklem büyüklüğü olabileceği değerlendirildi. Nitekim toplam 162 değerlendirmenin sadece 25 tanesi, 15 görevin tamamında mevcut iken 137 değerlendirmede kayıp veriler mevcuttu ve bu değerlendirmeler analiz dışında kaldı.

Çocuk sağlığı dalında yapılan sınavda, 5'lik ve 100'lük değerlendirmeler arasındaki uyum, G ve Phi katsayıları için sırasıyla 0,91 ve 0,53 olarak hesaplanırken CA için 0,90 olarak hesaplandı. Benzer örnekler diğer 3 alanda da mevcuttu. Bu durum Cronbach Alpha katsayısının, diğer 2 katsayıdan göreceli hata varyansını göz önünde bulunduran G katsayısına nispeten daha yakın sonuçlar verdiği, mutlak hata varyansından etkilenmediği şeklinde yorumlanabilir.

4 ayrı rotasyonun tamamında, öğrenci uyum için hesaplanan CA katsayıları hem G hem de Phi katsayısından daha yüksekti. Nitekim bu analiz için toplam 82 öğrencinin her biri birer gösterge olarak kullanıldı. Madde sayısı arttıkça yükselme eğilimi gösteren CA katsayısının bu durumdan etkilendiği değerlendirilebilir.

Araştırmanın en dikkat çeken çıktılarından biri de, Genel Cerrahi dalında yapılan sınavda, görevler arası ve değerlendirme metotları arasındaki uyum için G ve Phi katsayıları için 0,00 olarak hesaplanırken; CA'nın görevler arası uyum için 0,53, değerlendirme metotları arası için uyum için 0,41 olarak hesaplanması oldu.

Bu dalda Genellenebilirlik Kuramına göre görevler ve değerlendirme metotları arasındaki uyum hiçbir şekilde gözlemlenmezken Klasik Test Teorisine göre çok zayıf dahi olsa mevcuttu. Bu durum, KTT'nin tek hata kaynaklı bir metot olduğu için görev ve skor metodu için hesaplama yaparken öğrenci faktörünü göz ardı edememesi olarak değerlendirilebilir.

Sonuç ve Tartışma: Araştırmada, Cronbach Alpha (CA) ile Genellenebilirlik Kuramı (G Katsayısı ve Phi Katsayısı) arasında istatistiksel olarak anlamlı bir korelasyon bulunmadı. Bu uyumsuzluk, özellikle CA'nın daha düşük, daha yüksek veya G ve Phi katsayıları arasında değişen değerler almasıyla dikkat çekti. Bu durum, her bir katsayının farklı hata kaynaklarını dikkate almasından kaynaklanıyor olabilir.

İç hastalıklar sınavında G ve Phi katsayıları görevler arası uyum için yüksek değerler (0,91 ve 0,87) gösterirken, CA yalnızca 0,43 olarak hesaplandı. Bu farkın, örneklem büyüklüğüne ve veri kayıplarına bağlı olabileceği değerlendirildi. Nitekim, toplam 162 değerlendirmenin sadece 25'i eksiksizken, geri

kalan 137 değerlendirme analiz dışı kaldı. Örneklem büyüklüğündeki bu sınırlılıklar, güvenilirlik ölçütleri arasındaki farkların temel nedenlerinden biri olarak değerlendirilebilir (Shrout & Fleiss, 1979).

Çocuk sağlığı sınavında, 5'lik ve 100'lük değerlendirmeler arasındaki uyum, G ve Phi katsayıları için sırasıyla 0,91 ve 0,53 iken, CA için 0,90 olarak hesaplandı. Bu durum, CA'nın, G katsayısına kıyasla göreceli hata varyansını dikkate alan bir yöntem olarak daha yakın sonuçlar verdiğini, ancak mutlak hata varyansından etkilenmediğini göstermektedir.

Genel cerrahi sınavında, görevler arası ve değerlendirme yöntemleri arasındaki uyum için G ve Phi katsayıları 0,00 olarak hesaplanırken, CA katsayısı görevler arası uyum için 0,53, değerlendirme yöntemleri arasındaki uyum için ise 0,41 olarak bulunmuştur.

- Genellenebilirlik Kuramı'na göre, bu alanda görevler ve değerlendirme metotları arasında uyum gözlemlenemezken, Klasik Test Teorisi (KTT), çok zayıf da olsa bir uyum tespit etmiştir. Bu bulgu, KTT'nin tek hata kaynaklı bir model olması nedeniyle, görev ve değerlendirme yöntemi arasındaki hesaplamalarda öğrenci faktörünü göz ardı edememesi olarak açıklanabilir.

Sonuçlar, farklı güvenilirlik yöntemlerinin, kullanılan veri yapısına ve hata kaynaklarına bağlı olarak önemli ölçüde değişebileceğini ortaya koymaktadır. Buna göre;

- Örneklem ve gösterge (madde) sayısının çok düşük ve çok yüksek olduğu durumlarda KTT yerine Genellenebilirlik Kuramını tercih etmek daha doğru olabilir.
- Birincil amacı katılımcılarının puan sıralaması olmayan, başarılı/başarısız şeklinde değerlendirmelerin öne çıktığı sınav ölçümlerinde CA yerine Phi katsayısının tercih edilmesi daha doğru olabilir.
- Yeni bir ölçek tasarımında güvenilirlik kontrolünün genellenebilirlik kuramı ile kontrol edilmesi, olası bir uyumsuzluğun örneklemden mi yoksa ölçek yapısından mı kaynaklandığını görmek adına daha faydalı olacaktır.

Anahtar Kelimeler: klasik test teorisi, genellenebilirlik kuramı, cronbach alpha, G katsayısı, Phi katsayısı

Kaynaklar

Atılğan, H. (2005). GENELLENEBİLİRLİK KURAMI VE PUANLAYICILAR ARASI GÜVENİRLİK İÇİN ÖRNEK BİR UYGULAMA. *Journal of Educational Sciences & Practices*, 4(7).

Brennan, R. L. (2001). Variability of statistics in generalizability theory. *Generalizability theory*, 179-213.

Cortina, J. M. (1993). What is coefficient alpha? An examination of theory and applications. *Journal of applied psychology*, 78(1), 98.

Cronbach, L. J. (1951). Coefficient alpha and the internal structure of tests. *psychometrika*, 16(3), 297-334.

Kocaoğlu, S., & Şahin, M. G. (2024). Investigating The Effect Of Testlets Consisting Of Open-Ended And Multiple-Choice Items On Reliability Via Generalizability Theory. *Journal of Measurement and Evaluation in Education and Psychology*, 15(1), 65-78.

Medvedev, O. N., Norden, P. A., Krägeloh, C. U., & Siegert, R. J. (2018). Investigating Unique Contributions of Dispositional Mindfulness Facets to Depression, Anxiety, and Stress in General and Student Populations. *Mindfulness*, 9(6), 1757-1767. <https://doi.org/10.1007/s12671-018-0917-0>

Novick, M. R. (1966). The axioms and principal results of classical test theory. *Journal of mathematical psychology*, 3(1), 1-18.

Webb, N. M. (1991). *Generalizability theory: A primer*.

Shrout, P. E., & Fleiss, J. L. (1979). Intraclass correlations: Uses in assessing rater reliability. *Psychological Bulletin*, 86(2), 420–428.

SB23

Normal Dağılım Göstermeyen Tekrarlı Ölçümlerin Analizi

Nurgül Bulut^{1*}, Ahmet Avcı², Şeyma Nur Bayındır³, Handan Ankaralı¹

¹ İstanbul Medeniyet Üniversitesi

² İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa

³ Üsküdar Devlet Hastanesi

* Sorumlu Yazar: nrgl.bulut@hotmail.com

Amaç: Farklı koşullarda veya zamanlarda aynı deneklerden alınan ölçümler, tekrarlanan ölçüm, bu ölçümleri içeren deney tasarımları ise tekrarlanan ölçümlü/uzunlamasına denemeler adını alır. Bu tasarımlarda tekrarlanan ölçüm içeren faktör(ler), “denek içi”, bağımsız gözlemler içeren faktör(ler) ise “denekler arası” olarak adlandırılır ve parametrik testlerin varsayımları sağlandığı zaman, tekrarlı ölçümlerde ANOVA modelleri ile veriler analiz edilir. Özellikle normal dağılım varsayımının sağlanmadığı veya test edilemediği durumlarda, veriler alt gruplara parçalanarak basit parametrik olmayan testlerle analiz edilir. Ancak faktöriyel yapının parçalanarak incelenmesi durumunda, hem birinci tip hata artar hem de faktörlerin etkileşimleri modele dahil edilmemiş olur. Bu sorunların üstesinden gelmek amacıyla özellikle son 10 yıl zarfında, dayanıklı, parametrik olmayan faktöriyel modellerin kullanılması önerilmektedir. Ancak pratikte söz konusu modellerin yaygın kullanılmaması, bu modellerin nasıl kullanılacağı konusunda bilgi eksikliğine işaret etmektedir.

Bu çalışmada, parametrik olmayan ve tekrarlı ölçümler içeren faktöriyel modellerin teorik özelliklerinin tanımlanması ve bu modellerden birinin sağlık alanında yapılmış bir çalışmadan elde edilen veriler üzerinde uygulanması amaçlanmıştır. Bu vesile ile araştırmacılar tarafından yaygın kullanımının sağlanması hedeflenmektedir.

Yöntem: Bu çalışmada parametrik olmayan tekrarlı ölçüm içeren deney tasarımlarından biri olan F1-LD-F1 modeli kullanıldı. Birinci F1, denekler arası faktörü, ikinci F1 denek içi faktörü göstermektedir. Analizde kullanılan veri setinde, toplam 63 Pes Anserin Bursitli Diz Osteoartrit hastasında, radial ekstrakorporeal şok dalga tedavisi (rESWT) 3 ve 5 seans olarak iki ayrı grupta uygulanmış ve bireylerden tedavi öncesi, tedaviden hemen sonra ve tedaviden 1 ay sonra, ağrı ve fonksiyonellik durumları 8 ayı ölçek ile değerlendirilmiştir. Puan türünde ve tekrarlanan özellikteki bu ölçümlerin her iki seans grubunda normal dağılıma uymadıkları görüldü. Marjinal dağılımlar kullanılarak her bir ölçek puanı için nispi tedavi etkileri hesaplandı. Faktörlerin esas (Grup ve Zaman etkileri) ve etkileşim etkisi (Grup x Zaman) Wald-tipi ve ANOVA-tipi istatistiklerle test edildi. Elde edilen verilerin istatistiksel değerlendirmesi R studio programında *nparLD* paketi ile yapıldı. İstatistik anlamlılık düzeyi olarak $P < 0.05$ kabul edildi.

Bulgular: Herbir ölçek puanı için sonuçlar değerlendirildiğinde, 8 ölçek içinde VAS hariç grup x zaman etkileşimlerinin istatistik olarak anlamlı olduğu görüldü. Etkileşim etkilerinin tamamında, 5 seans tedavi alan grupta, tedaviden hemen sonra ve 1 ay sonra tedavi öncesine göre meydana gelen düşme, 3 seans tedavi alanlardan anlamlı düzeyde daha fazla bulundu. VAS için ise seanstan bağımsız olarak periyotlara göre hastaların skorlarında anlamlı artış olduğu görüldü.

Sonuç ve Tartışma: Sağlık alanı araştırmalarında, tekrarlı ölçüm içeren ve birden fazla faktör etkisinin incelendiği denemeler oldukça yaygındır. Bu tip modellerde etkilerin doğru bir şekilde test edilmesi için hem varsayımların incelenmesi hem de uygun hipotez testinin seçilmesi gerekir. Bu çalışma ile parametrik olmayan tekrarlı ölçümlerde faktöriyel varyans analizinin yaygın bir şekilde kullanımına olanak sağlanacağı düşünülmektedir.

Anahtar Kelimeler: Tekrarlı Ölçümler, Wald-Tipi, Anova-Tipi, Fx-LD-Fy denemeleri, Ordinal veriler

Kaynaklar

- [1] Noguchi, K., Gel, Y. R., Brunner, E., & Konietzschke, F. (2012). nparLD: an R software package for the nonparametric analysis of longitudinal data in factorial experiments.
- [2] Brunner, E., & Puri, M. L. (2001). Nonparametric methods in factorial designs. *Statistical papers*, 42, 1-52.
- [3] Munzel, U., & Tamhane, A. C. (2002). Nonparametric multiple comparisons in repeated measures designs for data with ties. *Biometrical Journal: Journal of Mathematical Methods in Biosciences*, 44(6), 762-779.

SB24

Konvolüsyonel Sinir Ağlarına Alternatif Yenilikçi Bir Model: Konvolüsyonel Kolmogorov-Arnold Ağları

Nurgül Bulut*, M. Sinan Başarslan, Handan Ankaralı

İstanbul Medeniyet Üniversitesi

* Sorumlu Yazar: nrgl.bulut@hotmail.com

Amaç: Sağlık hizmetlerinde, klinik uygulamalarda, sağlık araştırmalarında ve hasta sonuçlarının çeşitli yönlerini kapsayan sayısız faydasıyla tartışmasız önemli ilerlemeler kaydeden yapay zeka uygulamaları, çeşitli teknikleriyle (makine öğrenimi modelleri, derin sinir ağları, görüntü işleme) büyük umutlar vadetmektedir.

Bu çalışmada, göğüs röntgeni görüntülerinden yararlanılarak pneumonia tanısında derin öğrenme modellerinin karşılaştırmalı sonucunu sunmak amaçlandı.

Yöntem: Çok katmanlı Perceptron (MLP) ağlarının verimliliğinin sınırlamalarına alternatif olarak önerilen Konvolüsyonel Kolmogorov-Arnold Ağları (ConvKAN, Convolutional Kolmogorov-Arnold Networks), gizli katmanlarda öğrenilebilir aktivasyon fonksiyonları kullanarak doğrusal ağırlık matrislerini değiştirmektedir. Bu yaklaşım ConvKAN'ların daha doğru modeller sunmasını, daha hızlı ölçeklendirmeyi ve birlikte çalışabilirliği sağlamaktadır.

Kullanılan veri seti, göğüs röntgeni "pneumonia" ve "NORMAL" olmak üzere iki sınıfa ayrıldığı, %80 eğitim ve %20 test ayrımı yapılan bir yapıdadır. Ayrıca eğitim setinin %20'si doğrulama için ayrılmıştır. Tüm görüntüler model girişi için 224x224x3 piksel boyutuna yeniden boyutlandırılmıştır. 224,224,3 input shape'li 3 adet 128 sinir düğümlü ve 3x3 kernel değeri olan Conv2D ve aralarında her biri 2x2 pool sizedan oluşan Maxpooling katmanlarından oluşan son katmanı 2 düğümlü Dense olan CNN modeli ile aynı parametrelere sahip ConvKAN tabanlı-(inspired) CNN modelleri oluşturulmuştur. Bu iki modelde, aşırı öğrenmeyi önlemek amacıyla ReduceonLR ve erken durdurma (early stopping) mekanizmaları kullanılarak 100 epoch boyunca eğitilmiştir. Çalışmada geleneksel bir Çok Katmanlı Konvolüsyonel Sinir Ağı (CNN, Convolutional Neural Network) ve yenilikçi Kolmogorov Arnold Ağları olmak üzere iki model mimarisi değerlendirilmiştir. Görüntülerin analizinde Python programlama dili (Versiyon: 3.10.12) ve bulut tabanlı Google Colaboratory (CoLab Pro+) ortamı ve TensorFlow 2.17.0 sürümlü kütüphane kullanıldı.

Bulgular: Modellerin etkinliğini değerlendirmek için duyarlılık, özgüllük, kesinlik, doğruluk, F1 skoru ve Matthews Korelasyon Katsayısı (MCC) gibi performans metrikleri kullanıldı. ConvKAN modelinin tüm metrikleri daha iyi performans göstererek %95.22 duyarlılık, %97.61 özgüllük, %94.10 kesinlik, %96.93 doğruluk, %94.66 F1 skoru ve %92.51 MCC değerlerine ulaştı ve geleneksel CNN mimarisini geride bıraktığı gözlemlendi.

Sonuç ve Tartışma: Tıbbi görüntülemelerde tanısal doğruluğu artırmada ConvKAN modelinin potansiyeli olduğu görülmektedir. Elde edilen bulguların, ileri düzey derin öğrenme mimarilerinin daha güvenilir hastalık sınıflandırma ve hasta yönlendirme sistemleri sunarak otomatik sağlık sistemlerine önemli katkılar sağlayabileceğini ortaya koymaktadır.

Anahtar Kelimeler: Derin Öğrenme, Konvolüsyonel Sinir Ağı, Konvolüsyonel Kolmogorov Arnold Ağları

Kaynaklar

- [1] Wang, J., Cai, P., Wang, Z., Zhang, H., & Huang, J. (2024). CEST-KAN: Kolmogorov-Arnold Networks for CEST MRI Data Analysis. arXiv preprint arXiv:2406.16026.
- [2] Kermany, D., Zhang, K., & Goldbaum, M. (2018). Large dataset of labeled optical coherence tomography (oct) and chest x-ray images. Mendeley Data, 3(10.17632).
- [3] Herbozo Contreras, L. F., Cui, J., Yu, L., Huang, Z., Nikpour, A., & Kavehei, O. (2024). KAN-EEG: Towards Replacing Backbone-MLP for an Effective Seizure Detection System. medRxiv, 2024-06.

SB25

Propensity Skor Eşleştirmesine Tolerans Seviyesinin Etkisi

Nazlı TOTİK DOĞAN*, İlker ÜNAL

Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Ana Bilim Dalı, Sarıçam, ADANA

*Sorumlu Yazar: nazlitotik.biostat@gmail.com

Amaç: Propensity skor(PS) eşleştirmesinde tolerans seviyesi (caliper), potansiyel olarak eşleştirilebilecek iki bireyin propensity skorları arasındaki maksimum farkı ifade eder. Literatürde sıklıkla, araştırmacıların eşleştirme öncesi belirledikleri standart olmayan birkaç caliper kullanılmaktadır:

- 1) Propensity skorların lojisinin standart sapmasının 0,20 katı¹
- 2) Propensity skorların standart sapmasının 0,25 katı²
- 3) Sabit değer; 0,10, 0,20, 0,25 vb.

Bu çalışma ile yukarıdakilere ek olarak tedavi gruplarının propensity skorlarının ortak varyanslarından hareketle elde edilen standart sapmalarının kullanıldığı bir caliper belirleme yaklaşımı ($0,10 * ssPS_{ortak}$, $0,20 * ssPS_{ortak}$, $0,25 * ssPS_{ortak}$) önerilmiş ve araştırmacıların optimal eşleştirmeyi yapabilmek adına kullanacakları caliper'in ne olacağına kararına yardımcı olabilmek için uygun caliperin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Yöntem: Simülasyon çalışmasında veri kümeleri Setoguchi ve arkadaşları (2008)'nin önerdiği veri üretme mekanizması ile üretilmiştir³. Yerine koyarak PS eşleştirme yöntemi kullanılarak 1:1 eşleştirmede farklı örnek büyüklükleri (250, 500, 1000) ele alınarak 1000 tekrarlı simülasyon ile senaryolar oluşturulmuştur. PS mutlak farkı ve Mahalanobis uzaklığı ile PS eşleştirme yöntemi kullanılarak yapılmıştır. Performans ölçütü olarak tedavi etkisi tahmin değeri yanlışlığı ve tedavi gruplarının eşleşme oranları dikkate alınmıştır.

Bulgular: Farklı caliper değerleri için tedavi etkisi tahmini yanlışlık değerleri ve eşleşme oranları incelendiğinde en az %80 eşleşme oranını garantileyecek şekilde için $n \geq 500$ iken $0,10 * ssPS_{ortak}$ ve $n < 500$ iken $0,25 * ssPS_{ortak}$ en düşük tedavi etkisi tahmin yanlışlığına sahiptir.

Sonuç ve Tartışma: Düşük caliper, yüksek eşleştirme oranı ve düşük yanlışlık olacak şekilde değerlendirildiğinde literatürdeki caliper değerlerinin altında kalmayan, hatta büyük örnek büyüklüğünde üstüne çıkan yöntem önermiş olduk. Bu çalışma ile farklı örnek büyüklüklerinde caliper belirleme yaklaşımlarından hangisinin kullanılacağı konusundaki belirsizliğin giderilmesi sağlanmıştır. Böylelikle eşleştirme aşamasında uygun caliperin kullanılması ile, eşleşmelerin kalitesinin artması beklenebilir.

Anahtar Kelimeler: Propensity skor, caliper, gözlemsel çalışma

Kaynaklar

[1] Austin, P. C. (2011). Optimal caliper widths for propensity-score matching when estimating differences in means and differences in proportions in observational studies. *Pharmaceutical statistics*, 10(2), 150-161.

[2] Rosenbaum, P. R., & Rubin, D. B. (1985). Constructing a control group using multivariate matched sampling methods that incorporate the propensity score. *The American Statistician*, 39(1), 33-38.

[3] Setoguchi, S., Schneeweiss, S., Brookhart, M. A., Glynn, R. J., & Cook, E. F. (2008). Evaluating uses of data mining techniques in propensity score estimation: a simulation study. *Pharmacoepidemiology and drug safety*, 17(6), 546-555.

SB26

Kayıp Veri Varlığında Propensity Skor Ağırlıklandırması: Bir Simülasyon Çalışması

S. Püren YÜCEL KARAKAYA*, İlker ÜNAL

Çukurova Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Adana, Türkiye

* Sorumlu Yazar: sevincpurenyucel@gmail.com

Amaç: Kayıp veri varlığında propensity skor (PS) ağırlıklandırmasında çoklu atama (Multiple Imputation, MI) yöntemi ile elde edilen tahminlerin birleştirilmesi için kullanılan yaklaşımlar tedavi etkisi tahminlerinin (MI_{te}), PS'lerin (MI_{ps}) veya PS modelindeki parametre tahminlerinin (MI_{par}) birleştirilmesine dayanır^{1,2}. MI_{te} yaklaşımının PS modelinde kayıp veri gösterge değişkeni ile birlikte kullanımı literatürde yer almaktadır³. Bu çalışmada ise MI_{te} yaklaşımının yanıt modelinde ve hem PS hem yanıt modelinde kayıp veri gösterge değişkeni ile birlikte kullanımına (sırasıyla $MIMI_{te-y}$ ve $MIMI_{te-psy}$) ek olarak MI_{ps} yaklaşımının da PS modelinde kayıp veri gösterge değişkeni ile kullanımı ($MIMI_{ps-ps}$) önerilerek en iyi yöntemin belirlenmesi amaçlanmaktadır.

Yöntem: Veri kümeleri Choi ve ark.'nın (2019) kullanmış oldukları veri üretme senaryosuna paralel olarak üretilmiştir³. Farklı simülasyon senaryoları, kayıp veri mekanizmalarının etkisi, örnek büyüklüğünün etkisi, değişen tedavi etkisi (sabit tedavi etkisi- tedavi etkisi yokluğunda, sabit tedavi etkisi- tedavi etkisi varlığında, heterojen tedavi etkisi) ve ölçülmemiş karıştırıcı değişken varlığı gözetilerek oluşturulmuştur. 1000 tekrarlı simülasyonla tedavi etkisi tahminleri elde edilmiş, yöntemlerin karşılaştırılmasında performans ölçütü olarak tedavi etkisi tahminindeki yanlılık ve tedavi etkisi tahmininin standart sapması kullanılmıştır.

Bulgular: Örnek büyüklüğü arttıkça yöntemlerden elde edilen tedavi etkisi yanlılığının ve varyasyonun azaldığı görülmüştür. $MIMI_{ps-ps}$ metodu diğer yöntemlere göre sıklıkla daha düşük performans sergilemiştir. Heterojen tedavi etkisinde, ölçülmemiş karıştırıcı değişken yok iken kayıp veri gösterge değişkeni eklenmesi yöntem performansını etkilemezken, ölçülmemiş karıştırıcı değişken varlığında kayıp veri mekanizmasından bağımsız olarak $MIMI_{te-y}$ ve $MIMI_{te-psy}$ yöntemlerinin yanlılığı daha düşük bulunmuştur.

Sonuç ve Tartışma: Kayıp veri gösterge değişkeninin MI_{ps} yönteminden ziyade MI_{te} yöntemine entegre edilmesinin yanlılığı düşürdüğü görülmüştür. Uygulamada karşılaşılabilecek senaryo olarak, ölçülmemiş karıştırıcı değişken varlığında heterojen tedavi etkisi durumu göz önünde bulundurulursa araştırmacılara hesaplamasal kolaylık açısından $MIMI_{te-y}$ yöntemini kullanmaları önerilmektedir.

Anahtar Kelimeler: Propensity skor, kayıp veri mekanizmaları, çoklu atama, kayıp veri gösterge değişkeni

Kaynaklar

Leyrat, C., Seaman, S. R., White, I. R., Douglas, I., Smeeth, L., Kim, J., ... & Williamson, E. J. (2019). Propensity score analysis with partially observed covariates: how should multiple imputation be used?. *Statistical methods in medical research*, 28(1), 3-19.

Mitra, R., & Reiter, J. P. (2016). A comparison of two methods of estimating propensity scores after multiple imputation. *Statistical methods in medical research*, 25(1), 188-204.

Choi, J., Dekkers, O. M., & le Cessie, S. (2019). A comparison of different methods to handle missing data in the context of propensity score analysis. *European journal of epidemiology*, 34, 23-36.

SB27

Biyoistatistik Tutum, Davranış ve Bilgi Ölçeği Geliştirilmesi

Alev BAKIR KAYI^{1*}, Arzu BAYGÜL EDEN², Erdem KARABULUT³

¹ İstanbul Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Çocuk Sağlığı Enstitüsü, Sosyal Pediatri A.B.D., İstanbul, Türkiye.

² Koç Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik A.B.D., İstanbul, Türkiye.

³ Hacettepe Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Temel Tıp Bilimleri Bölümü, Biyoistatistik A.B.D., Ankara, Türkiye.

* Sorumlu yazar: alefbakir@gmail.com

Amaç: Çalışmamızın amacı, geliştirilecek ölçek yardımı ile hekim öğretim üyelerinin biyoistatistik alanına olan tutumlarını, davranışlarını, bilgilerini ölçebilmek ve bilgi, tutum ve davranışlarını bilimsel olarak değerlendirebilmektir. Biyoistatistik uzmanları olarak iş birliği yaptığımız, ortak projeler yürüttüğümüz klinisyenleri, taleplerini ve dillerini daha iyi algılamak ve sorun yaşadıkları kısımları tespit ederek çözümler sunabilmek ve biyoistatistik konusunun önemini bir kez daha vurgulayarak farkındalığın artırılmasını hedefledik.

Yöntem: Çalışma ilk aşamada odak grup çalışması şeklinde düzenlenip, konu hakkındaki önemli noktalar tespit edilmeye çalışılmıştır. Moderatör akademisyenin (biyoistatistik uzmanı), odak grup çalışmasına katılan kişiler tarafından tanınmamasına dikkat edilmiştir, böylelikle tartışmalardaki yanlılığın önüne geçilmiştir. Görüşme sırasında biyoistatistik eğitimi ve biyoistatistik uzmanları hakkında yarı yapılandırılmış konu başlıkları tartışılmış ve konu hakkında derinlemesine görüşler alınmıştır. İki adet odak görüşme yapılmış ve kayıt altına alınmış, belirtilen görüşler sentezlenip 48 sorudan ve 3 alt ölçekten oluşan Biyoistatistik Tutum, Davranış ve Bilgi Ölçeği oluşturulmuştur.

Bulgular: Odak grup çalışmasına 5 erkek 3 kadın, 2 Profesör, 4 Doçent, 2 Doktora Öğretim Üyesi ile toplamda 8 kişi katıldı. Akademik kariyerlerinde ve bilimsel çalışmalarında biyoistatistiğin yerini oldukça önemli bulan (4.5/5 ve 4.8/5, sırasıyla) odak grup katılımcıları ortak olarak en çok biyoistatistik uzmanı sayısının az olması ve kendilerine ulaşma ve zaman bakımından sıkıntı yaşadıklarını vurguladılar. Biyoistatistik dersini aldıkları yılın (genellikle lisans 1. yıl) pek uygun olmadığını ve okudukları makalelerde biyoistatistik uzmanı olup olmadığını bakmadıklarını belirttiler. İstatistik uzmanı ile biyoistatistik uzmanı arasındaki farkın önemi konusunda ikiye bölünmüş durumlardı. Bazen mümkün olmasa da çalışmanın en başından itibaren biyoistatistik uzmanı desteği alınması gerektiği konusunda hem fikirlerdi. Sonradan alınan eğitimlerden çok faydalandıklarını ancak uygulama fırsatı bulamadıklarında bilgilerin unutulduğunu belirttiler. Birçok noktada biyoistatistik uzmanlarının fark yaratması gerektiğini, bakanlık ve rektörlük tarafına da dikkat çekilmesi ve gerekirse her bölüme kadro verilmesi gerektiğini vurguladılar. Ayrıca biyoistatistik uzmanlarının destek verdikleri çalışmalarda yazar olarak yer almaları konusunda fikir birliğine vardılar. Odak grup çalışması ile oluşturulmuş bu ölçeğin, uzman görüşü alındıktan sonra, geçerlilik ve güvenilirliği için hedef kitleye anket uygulama yöntemine başvurulacaktır.

Sonuç ve Tartışma: Biyoistatistik eğitimi ve donanımlı biyoistatistik uzmanlarının yetiştirilmesi konusunda, hekimlerin konu hakkında durum tespiti, farkındalık ve bilgi gereksinimleri ölçülerek alana katkı sağlanacaktır. İlk etapta ulusal gerçekleştirilecek bu ölçek, uluslararası düzleme ve gereğinde bölümlere özgü bir yapıya taşınacaktır.

Anahtar Kelimeler: Biyoistatistik, biyoistatistik uzmanı, ölçek, tutum, davranış, bilgi, farkındalık

Kaynaklar

1. Ercan, I., Ocakoglu, G., Ozkaya, G., Sigirli, D., Cangur, S., & Gunel Karadeniz, P. (2013). An international survey of physicians' knowledge of biostatistics. *Turkiye Klinikleri J Med Sci*, 33(2), 401-9.
2. Ibrahim, M. S. M., Zin, A. N. M., Haslim, H. Z., Musa, M. F. C., & Kamar, S. H. S. (2022). Perceived knowledge and perceptions toward biostatistics among dental and medical undergraduate students in International Islamic University Malaysia. *IUM Journal of Orofacial and Health Sciences*, 3(1), 111-123.
3. Tomak, L., & Civanbay, H. (2022). Evaluation of biostatistics knowledge and skills of medical faculty students. *Journal of Experimental and Clinical Medicine*, 39(3), 620-627.
4. Polychronopoulou, A., Eliades, T., Taoufik, K., Papadopoulos, M. A., & Athanasiou, A. E. (2011). Knowledge of European orthodontic postgraduate students on biostatistics. *The European Journal of Orthodontics*, 33(4), 434-440.
5. Windish, D. M., Huot, S. J., & Green, M. L. (2007). Medicine residents' understanding of the biostatistics and results in the medical literature. *Jama*, 298(9), 1010-1022.

SB28

A Reproducible and Scalable Workflow for DNA Methylation Analysis: MethylHead

R. Onur Öztornacı*, Paul Yousefi, Matthew Suderman

MRC Integrative Epidemiology Unit, University of Bristol, Bristol, İngiltere

* Corresponding author: onur.oztornaci@bristol.ac.uk

Objective: DNA methylation (DNAm) is the reversible addition of methyl groups to DNA, which can stably modify gene expression. DNAm predominantly occurs at cytosines followed by guanines, known as CpG sites. Given that there are approximately 30 million CpG sites across the human genome, DNAm datasets obtained through high-throughput sequencing can be extremely large [1]. Therefore, reproducibility, scalability, and resource optimization are crucial at every step of the analysis process. In this study, we have developed a reproducible, scalable, and resource-efficient workflow called MethylHead to process DNAm sequencing data from raw reads to an analysable data matrix.

Methods: MethylHead provides two independent workflows for processing DNAm data: 'Bismark' and 'Picard'. Each workflow is implemented using a different collection of popular and competitive tools. These workflows cover all the necessary processing steps, including quality control, duplicate read removal, read trimming, alignment, and DNAm calculation. By using the Nextflow workflow system, the workflows can be executed on a single Linux machine or on a high-performance computing (HPC) cluster managed by SLURM. The setup is simplified, and reproducibility is ensured through containerization with Apptainer [2]. All analyses were performed using Nextflow 24.04.4, R 4.3.3, and Apptainer 1.3.2.

Results: MethylHead was tested on six blood samples measured using a customized panel targeting approximately 60,000 CpG sites through the Twist Bioscience MethylSeq Capture platform. DNA methylation analysis using both tools showed a high degree of correlation between the DNAm patterns identified in each sample ($r = [0.96-0.99]$, $p < 0.001$). The containerized integration of both workflows in MethylHead was successfully executed on both Linux machines and HPC clusters. These workflows provide scalable and reproducible analyses on individual Linux machines as well as on HPC clusters with job schedulers like SLURM, offering researchers flexible usage across different hardware infrastructures. Picard results were generated in approximately 35 minutes, while the Bismark analysis was completed within 2 hours.

Conclusion and Discussion: MethylHead demonstrates the effectiveness of both workflows in the analysis of DNA methylation (DNAm). Both Bismark and Picard follow all essential steps required for the accurate and reliable processing of DNAm data. These workflows automate critical steps in DNAm analysis, saving users time. In conclusion, both workflows offer high flexibility and usability, successfully addressing a variety of research needs.

Keywords: DNA Methylation Analysis, Nextflow, Bismark, Epigenetics

References

[1] Yousefi, P. D., Suderman, M., Langdon, R., Whitehurst, O., Davey Smith, G., & Relton, C. L. (2022). DNA methylation-based predictors of health: applications and statistical considerations. *Nature Reviews Genetics*, 23(6), 369-383.

[2] Di Tommaso, P., Chatzou, M., Floden, E. W., Barja, P. P., Palumbo, E., & Notredame, C. (2017). Nextflow enables reproducible computational workflows. *Nature Biotechnology*, 35(4), 316-319.

SB29

Boylamsal ve Weibull Hızlandırılmış Başarısızlık Süresi Verilerinin Parametrik Bileşik Model Tahminlerinde Düzeltilmiş Bayesci İki-Aşamalı Yaklaşım

Elif Yıldırım^{1,2*}, Duru Karasoy³

¹ Konya Teknik Üniversitesi, Rektörlük, Kalite Koordinatörlüğü, Konya

² Hacettepe Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstatistik Anabilim Dalı, Ankara

³ Hacettepe Üniversitesi, Fen Fakültesi, İstatistik Bölümü, Ankara

* Sorumlu Yazar: elifyildirim3123@gmail.com

Amaç: Aynı birimlerden belirli zamanlarda tekrarlı olarak elde edilen boylamsal veriler ve bir olay gerçekleşene kadar geçen süreden oluşan yaşam verilerinin bileşik modellemesi üzerine çalışmalar son yıllarda giderek artmıştır. Farklı tipteki boylamsal ve yaşam verilerinin bileşik modellemesi için geliştirilen model yapılarının yanı sıra bileşik model parametre tahminlerini daha az yanlı olarak elde edebilmek için farklı yöntemler geliştirilmektedir. Literatürde sıklıkla kullanılan bileşik model yapısı, yaşam verileri için Cox regresyon modeli ve boylamsal veriler için doğrusal karma etkili modelin paylaşılmış rastgele etkiler modeli ile birleştirilmesine dayanmaktadır. Ancak yaşam verilerinin orantılı tehlikeler varsayımını sağlamadığı ve belirli bir dağılıma sahip olduğu durumlarda Cox regresyon modeline alternatif olarak daha az yanlı tahminler elde edebilmek için parametrik regresyon modellerinin kullanılması önerilmektedir. Bu kapsamda bu çalışmada, orantılı tehlikeler varsayımını sağlamayan yaşam verileri ile boylamsal verilerin parametrik bileşik modellemesinde parametre tahminlerini daha az yanlı elde edebilmek için düzeltilmiş Bayesci iki-aşamalı yaklaşım önerilmiştir.

Yöntem: Literatürde, bileşik model parametre tahminlerini elde etmek için genellikle iki-aşamalı yaklaşım, olabilirlik yaklaşımı ve Bayesci yaklaşım kullanılmaktadır. Bu çalışmada, Weibull hızlandırılmış başarısızlık süresi modeli ile doğrusal karma etkili modelin gizli sıfır ortalamalı ikili Gauss süreci ile birleştirilmesine dayanan parametrik bileşik model parametre tahminlerini elde etmek için düzeltilmiş Bayesci iki-aşamalı yaklaşım önerilmiştir. Önerilen yaklaşımda, Bayesci çerçevede uygulanan iki-aşamalı yaklaşıma, parametre tahminlerindeki yanlılığı azaltmak üzere ikinci aşamada bilgilendirici önsel dağılım yardımıyla düzeltme terimi eklenmiştir. Önerilen yaklaşımın performansını incelemek için farklı örneklem genişliklerinde ve durdurma oranlarında simülasyon çalışması gerçekleştirilmiş ve literatürde bileşik model parametre tahminlerini elde etmek için kullanılan diğer yaklaşımlar ile karşılaştırılmıştır. Ayrıca geliştirilen yaklaşımın uygulanabilirliği literatürde var olan AIDS veri setinde incelenmiştir.

Bulgular: Farklı durdurma oranlarında ve örneklem genişliklerinde gerçekleştirilen simülasyon çalışması sonuçları incelendiğinde, parametrik bileşik model parametre tahminleri için literatürde olabilirlik yaklaşımının çözümünde sıklıkla kullanılan Gauss hermite ve uyarlanmış Gauss Hermite yaklaşımlarına ve Bayesci iki-aşamalı yaklaşıma kıyasla, önerilen yaklaşımın daha az yanlı tahminler verdiği tespit edilmiştir. Ek olarak, AIDS veri setinde gerçekleştirilen uygulama sonuçlarının da simülasyon sonuçlarına benzer olduğu görülmüştür.

Sonuç ve Tartışma: Farklı özelliklerdeki boylamsal ve yaşam verilerinin bileşik modellemesinde model parametrelerini doğru elde edebilmek oldukça önemlidir. Bu çalışmada, parametrik bileşik modellerde parametre tahminlerini elde etmek için düzeltilmiş Bayesci iki-aşamalı yaklaşım önerilmiş olup, farklı senaryolarda gerçekleştirilen simülasyon çalışması ve AIDS veri seti uygulaması sonucunda, önerilen yaklaşımın klasik yaklaşımlara ve Bayesci iki-aşamalı yaklaşıma kıyasla daha az yanlı tahminler verdiği tespit edilmiştir.

Teşekkür: Bu çalışma Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK 1002-A Hızlı Destek Modülü) tarafından desteklenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Parametrik bileşik model; düzeltilmiş Bayesci iki-aşamalı yaklaşım, simülasyon çalışması

SB30

Çoklu Bağlantı Durumunda Doğrusal, Cezalandırılmalı ve Temel Bileşenler Regresyon Modellerinin Performans ve Katsayı Önemliliklerinin İncelenmesi

Semih ERGİŞİ^{1*}, Yasemin Yavuz²

¹ Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

² Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

* Sorumlu Yazar: semihstat@gmail.com.

Amaç: Çoklu bağlantı durumunda doğrusal, cezalandırılmalı ve temel bileşenler regresyon modellerinin eğitim ve test setindeki performansları ve bağımsız değişkenlerin katsayılarının nasıl etkilendiğinin değerlendirilmesidir.

Yöntem: Çalışmada monte carlo simülasyon yöntemiyle 50, 500, 2000 ve 5000 gözlem büyüklüklerinde türetilen veri setlerine sırayla doğrusal regresyon (LS), ridge regresyon (RR), lasso regresyon (LR), bridge regresyon (Lq), elasticnet regresyon (ER) ve temel bileşenler regresyon (PCR) yöntemlerinin eğitim ve test veri setinde performansları kıyaslanmıştır. Performans kıyaslaması için hata kareler ortalaması ve R-kare metrikleri kullanılmıştır. 1000 simülasyon yapılmış ve her bir modelin her bir örneklem büyüklüğünde katsayılarının ortalama ve standart hatası elde edilmiştir.

LS yöntemi bağımsız değişkenler kullanılarak bağımlı değişkeni en iyi şekilde tahmin eden doğrusal bir ilişki kurmaktır. RR yöntemi aşırı uyum problemini azaltmak için kullanılan bir doğrusal regresyon varyantıdır. Katsayıların büyük olmasını önlemek amacıyla bir ceza eklenir (1). Tüm katsayıları küçültürken modelin daha basit olmasını sağlar. LR yöntemi RR yöntemine benzer şekilde aşırı uyumu engellemeyi amaçlar, ancak LR'nin farkı, bazı katsayıları tamamen sıfıra indirme yeteneğine sahip olmasıdır(1). Lq yöntemi RR ve LR'nin genel bir versiyonu olarak, q parametresiyle belirlenen bir ceza uygulayarak ikisi arasında bir geçiş sunar(3). ER yöntemi RR ve LS regresyonlarını birleştirir. Hem RR gibi katsayıların küçültülmesini sağlar, hem de LR gibi bazı katsayıları sıfıra düşürerek değişken seçimi yapar. PCR yöntemi daha az boyutlu bileşenler üzerinden regresyon yapar(2).

Bulgular: Çalışmada LS yöntemi ile yapılan katsayıların tahminleri bütün örneklem büyüklüklerinde oldukça yüksek standart hataya sahiptir ve değişkenlerin katsayılarının işaretleri her bir örneklem büyüklüğünde farklı olara elde edilmiştir. Ancak bulgulara göre diğer regresyon türlerinde katsayılar daha düşük standart hata değerine sahipken anlamlı yorum yapılabilecek şekilde elde edilmiştir. Model performanslarına bakılırsa eğitim setinde en düşük ortalama hko değerleri LS, RR, LR, Lq, ER ve PCR olacak sırayla elde edilirken örneklem büyüklüğü arttıkça değerler birbirlerine yaklaşmaktadır. Test setinde RR, LS, RR, Lq, ER ve PCR olacak şekilde sıralanmıştır ve örneklem büyüklüğü arttıkça birbirlerine yaklaşmıştır. Test setinde 50 örneklem büyüklüğünde LS en yüksek hko ortalamasına sahipken gözlem büyüklüğü arttığında yukarıda verilen sıralama elde edilmiştir.

LS yöntemi ile yapılan tahminlerde katsayıların standart hataları artan örneklem büyüklüğünde azalma göstermiştir. Ancak bu azalmalar diğer yöntemlerdeki bulgulara göre oldukça yüksektir. Örnek verecek olursak X1 değişkeni için elde edilen katsayının standart hatası 50 örneklem büyüklüğünde 444.559 iken örneklem büyüklüğü 5000 olduğunda 35.908 olduğu görülmüştür. Öte taraftan diğer modellerden LR yönteminde 50 örneklem büyüklüğünde 0.06 olan standart hata 5000 örneklem büyüklüğünde 0.04 olarak gözlemlenmiştir. LS hariç diğer modellerin her birinde elde edilen standart hata ayen LR modellerinden daha düşük olarak elde edilmiştir.

Model performanslarına bakacak olursak 50 örneklem büyüklüğünde LS yönteminde eğitim seti için ortalama hko değeri 7.59 olarak gözlemlenirken PCR yönteminde bu rakam 9.44 ile en yüksek ortalama hko olarak gözlemlenmiştir. Diğer yöntemlerde LS yöntemine çok yakın bulgular elde edilmiştir. Test setindeki duruma bakılırsa 50 örneklem büyüklüğünde Lq yönteminde 10.59 ile en küçük ortalama hko elde edilirken, en yüksek 10.78 olarak LS yönteminde elde edilmiştir.

Sonuç ve Tartışma: Örneklem büyüklüğü arttıkça modelin performansına çoklu bağlantı probleminin etkisinin olmadığı görülmüştür. Eğer tahminleme amaçlı değil de bilgi çıkarımı amaçlı model kullanılacak olursa, çoklu bağlantı probleminin etkili olduğu görülür çünkü katsayıların hem anlamlılığı hem de işaretleri ciddi anlamda etkilenmektedir. Yani, bilgi çıkarımı amaçlı kullanılacak modelde örneklem büyüklüğü artsa bile katsayıların yorumlanabilirliği LS yönteminde mümkün olmamaktadır. Diğer bütün modellerin, bilgi çıkarımı amacıyla bütün örneklem büyüklüklerinde çoklu bağlantı probleminde kullanışlı olduğu görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Simulasyon, Cezalandırma, Boyut İndirgeme, Regresyon

Kaynaklar

- [1] Müller, A. C., & Guido, S. (2016). *Introduction to machine learning with Python: A guide for data scientists*. O'Reilly Media.
- [2] Topal, M., Eyduran, E., Yağanoğlu, A. M., Sönmez, A., & Keskin, S. (2010). Çoklu doğrusal bağlantı durumunda ridge ve temel bileşenler regresyon analiz yöntemlerinin kullanımı. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 41, 53-57.
- [3] Xiong, Yin (2007). Lq Penalized Regression, Masters Thesis, University of Georgia.

SB31

**Biyobelirteç Kombinasyonlarının Tanısal Başarıya Etkisi: ROC ve Birliktelik Kuralı Madenciliği
Yöntemlerinin Karşılaştırmalı Analizi**

Damla Hazal SUCU^{1*}, Asena Ayça ÖZDEMİR², Bahar TAŞDELEN¹, Abdurrahman AYKUT³

¹ Mersin Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik ve Tıbbi Bilişim Anabilim Dalı, 33343, Mersin, Türkiye

² Mersin Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Tıp Eğitimi Anabilim Dalı, 33343, Mersin, Türkiye

³ Çukurova Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Tıbbi Onkoloji Bilim Dalı, 01250 Adana, Türkiye

* Sorumlu yazar: dmlhzl5@gmail.com

Amaç: Bu çalışmada, hasta ve sağlıklı bireylerin ayırt edilmesinde, biyobelirteçlerin kombine kullanım durumları değerlendirilmiştir. Araştırmada, Birliktelik Kuralı Madenciliği (BKM) sonucu elde edilen kurallar ve kesim noktaları ile biyobelirteçlerin kombine kullanıldığı senaryolarda tanı doğruluğu ve ayırt edicilik durumlarını tespit etmek ve klasik ROC yöntemi ile tanısal performans değerlerini kıyaslamak amaçlanmıştır.

Yöntem: ROC analizi ile biyobelirteçler için elde edilen kesim noktaları kaydedilmiş ve bu kesim noktalarına dayalı yeni tanı grupları oluşturulmuştur. BKM yöntemi kullanılarak sürekli veriler, denetimli bir şekilde ayrıştırılmış ve %20 destek, %90 güven düzeyinde kurallar üretilmiştir¹. Elde edilen kurallar aracılığıyla, birlikte değerlendirilen biyobelirteçlerin ve bu biyobelirteçlerin kesim noktalarının tanısal performansları karşılaştırılmıştır. ROC analizi ve BKM'den elde edilen kombine biyobelirteçlerin performans ölçütleri eğri altında kalan alan (AUC), duyarlılık, seçicilik, doğruluk, pozitif ve negatif kestirim değerleri (PPV ve NPV) üzerinden değerlendirilmiştir^{2,3}. Ek olarak, yöntemlere ait biyobelirteç interaksiyonlarına ilişkin tanısal performans düzeyleri de incelenmiştir.

Bulgular: Çalışma sonuçları, biyobelirteçlerin kombine kullanımının, bireysel kullanıma göre daha iyi tanı doğruluğu sağladığını göstermektedir. Örneğin, CRP ve SEDİM biyobelirteçlerinin kombinasyonu, ROC analizinde %95,55 doğruluk, %97,67 duyarlılık, %93,61 seçicilik ve 0,956 AUC değeri ile başarılı sonuçlar sunmuştur. Tek başına kullanılan biyobelirteçlerde sonuçlar ise daha düşük bulunmuştur. Benzer şekilde, BKM yöntemi de kombine biyobelirteçlerin, daha yüksek duyarlılık ve seçicilik sonuçları verdiğini ortaya koymuştur. ROC ile anlamlı bulunmayan biyobelirteçlerin, BKM ile kural içerisine dahil edilmesi ayırt edicilik performansını etkilememiştir. Ayrıca, biyobelirteçlerin interaksiyonları değerlendirildiğinde, BKM'nin ROC'a kıyasla daha yüksek tanısal performans sağladığı görülmüştür⁴.

Sonuç ve Tartışma: Sonuçlar, biyobelirteçlerin kombine kullanımının hem ROC hem de BKM yöntemleri ile daha yüksek tanısal doğruluk sunduğunu ortaya koymaktadır. ROC yöntemi genellikle daha dengeli bir performans sergilerken, BKM yöntemi kritik vakalarda %100 duyarlılık ile daha etkili sonuçlar vermiştir. Özellikle BKM'nin yanlış negatif sonuçları minimize etme kabiliyeti, riskli hastaların gözden kaçma olasılığını azaltmaktadır. Biyobelirteçlerin kombine kullanımı, bireysel performanslarına kıyasla daha yüksek bir teşhis başarısı sunarak, klinik karar süreçlerinde daha güvenilir ve etkili bir yaklaşım olduğunu göstermektedir⁵.

Anahtar Kelimeler: Birliktelik Kuralı Madenciliği, ROC Analizi, Kesim Noktası

Kaynaklar

[1] Agrawal, R., Imielinski, T., & Swami, A. (1993). Mining association rules between sets of items in large databases. ACM SIGMOD Record, 22(2), 207-216. <https://doi.org/10.1145/170036.170072>

[2] Fawcett, T. (2006). An introduction to ROC analysis. *Pattern Recognition Letters*, 27(8), 861-874. <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2005.10.010>

[3] Pepe, M. S. (2003). *The statistical evaluation of medical tests for classification and prediction*. Oxford University Press.

[4] Zhang, P., & Zhang, J. (2013). Association rule mining: Models and applications. *Information Systems*, 37(1), 2-15. <https://doi.org/10.1016/j.is.2011.08.007>

[5] Han, J., Pei, J., & Kamber, M. (2011). *Data mining: Concepts and techniques (3rd ed.)*. Morgan Kaufmann.

SB32

Aracılık Analizinde Biyobelirteçlerin Değerlendirilmesinde Alternatif Yaklaşımların Araştırılması

Hülya BİNOKAY*, Yaşar SERTDEMİR

Çukurova Üniversitesi, Tıp fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Adana, Türkiye

* Sorumlu yazar: hulyabinokay@gmail.com

Amaç: Literatürde biyobelirteçlerin değerlendirilmesinde, sıklıkla t testi veya ROC analizi kullanılmaktadır. Ancak bu yöntemler sadece bu iki değişken (bağımlı ve bağımsız) arasındaki ilişki yapılarını değerlendirmektedir. Ancak bağımsız değişkenin, bağımlı değişkeni nasıl ve hangi mekanizmalar ile etkilediğini incelemek, biyobelirteçlerin değerlendirilmesi için önemlidir. Bu mekanizmaları incelemek için aracılık analizi kullanılmaktadır. Aracılık analizi, iki değişken arasındaki ilişkide, üçüncü değişkenin etkisini test etmek için kullanılmaktadır. Üçüncü değişken, aracı değişken olarak adlandırılmaktadır. Aracı değişkenin etkisini test etmek için çoğunlukla Baron-Kenny (BK) ve Sobel yöntemleri kullanılmaktadır. Bu çalışmada, Baron-Kenny (BK) ve Sobel (S) yöntemlerinin eksikliklerini gidermek için alternatif yaklaşımlı bir yöntem önerilmiştir. Önerilen yöntem Baron-Kenny ve Sobel yöntemleri ile karşılaştırılmıştır.

Yöntem: Çalışmamızın amacı doğrultusunda karşılaştırma yapmak için benzetim çalışması ve gerçek veri kullanılmıştır. Benzetim çalışmasında farklı etki büyüklükleri, farklı aracılık oranları ve farklı örnek büyüklükleri için, aracı değişken etkisi değerlendirilmiştir. Gerçek veri setinde ise, Sosyo-Ekonomik Durum ile kemik mineral yoğunluğu arasındaki ilişkide vücut kitle indeksinin aracılık edip etmediğini belirlemek için 11075 bireyin katıldığı bir çalışmanın verileri kullanılmıştır.

Bulgular: Yapılan karşılaştırma sonucunda; Önerilen yöntem, büyük aracılık oranları ve küçük örnek büyüklüklerinde BK ve Sobel yöntemlerinden daha iyi performans gösterdiği gözlenmiştir. Yapılan benzetim çalışmalarında 15 senaryonun 10 tanesinde Önerilen yöntem, BK ve Sobel yöntemlerinden daha küçük örneklerde %80 güce ulaştığı gözlenmiştir. Sobel ve Önerilen yöntem, büyük örnek büyüklüğünde ve büyük aracılık oranı senaryolarında benzer performans gösterdikleri gözlenmiştir. Baron-Kenny ve Önerilen yöntem, küçük aracılık oranı ve büyük örnek büyüklüğünde benzer performans göstermişlerdir. Gerçek veri sonuçlarına göre, Önerilen yöntem, BK ve Sobel yöntemlerinden küçük örneklerde daha yüksek güce sahiptir.

Sonuç: Önerilen yöntem, küçük örnek büyüklükleri ve aracılık oranının yüksek olduğu senaryolarda, Sobel ve BK yöntemlerine göre daha yüksek güce sahip olması sebebiyle tercih edilebilir olduğu gösterilmiştir. Gerçek veri uygulaması sonuçları, Önerilen yöntemin, BK ve Sobel yöntemlerinden daha küçük örnek büyüklüğünde %80 güce ulaştığını göstermektedir.

Anahtar Kelimeler: Baron-Kenny, Sobel, Önerilen yöntem, Aracı, Aracılık Analizi, Biyobelirteç

Kaynaklar

Baron, R. M., & Kenny, D. A. (1986). The moderator–mediator variable distinction in social psychological research: Conceptual, strategic, and statistical considerations. *Journal of personality and social psychology*, 51(6), 1173.

MacKinnon, D. P., Fairchild, A. J., & Fritz, M. S. (2007). Mediation analysis. *Annu. Rev. Psychol.*, 58(1), 593-614.

Sobel, M. E. (1982). Asymptotic confidence intervals for indirect effects in structural equation models. *Sociological methodology*.

SB33

Similarities And Differences of Bone Marrow and Peripheral Blood Samples from Acute Myeloid Leukemia Patients In Terms of Cellular Heterogeneity And Ex-Vivo Drug Sensitivity

Gulser Caliskan*, Yudi Pawitan, Trung Nghia Vu

Department of Medical Epidemiology and Biostatistics, Karolinska Institutet, 17165 Solna, Sweden

* Corresponding Author: gulser.caliskan@ki.se

Objective: Bone marrow (BM) evaluation is the de facto standard for diagnosis, molecular analysis, risk stratification, and therapy response assessment in acute myeloid leukemia (AML), but in patients with a high number of circulating blast cells, the peripheral blood (PB) sample could provide similar information as BM^{1,2,3,4}. However, there is no large-scale molecular study comparing the two specimens in terms of their gene expression profiles, cellular heterogeneities, and ex-vivo drug sensitivity^{5,6,7,8}.

Method: We used (i) the BEAT-AML cohort each with detailed molecular data; (ii) cell-type deconvolution to estimate leukemic and immune cell proportions between specimen types; (iii) differential expression (DE) and drug-cell type association analysis; and (iv) logistic regression models to assess the association between induction therapy response, cell-type composition and first-line drug treatment.

Results: We identified 207 patients having BM and 116 patients having PB samples. There was a total of 1271 DE genes (false discovery rate < 0.05) between BM and PB; the top enriched pathways in terms of DE genes belong to the immune system pathways. Aggregated ex-vivo drug response profiles from the two specimens were largely similar, as were the cellular components, except for the GMP-like cell type (17% in BM vs. 5% in PB, p -value = 2×10^{-7}). Among the specimen-specific results, the GMP-like subtype was associated with multiple drug resistance in BM and the ProMono-like subtype in PB. Several cell types were associated with the response to induction therapy, but the impact of specimen type on the interaction of cell type and cytarabine-associated induction therapy was not statistically significant for most cell types.

Conclusions: Even though there are molecular and cellular differences between BM and PB samples^{1,2,3}, they show many similarities in ex-vivo drug response profiles, indicating the clinical utility of the substantially less-invasive PB samples.

Keywords: AML; bone marrow; cellular heterogeneity; drug sensitivity; peripheral blood.

References

1. Tong WG, Sandhu VK, Wood BL, Hendrie PC, Becker PS, Pagel JM, et al. Correlation between peripheral blood and bone marrow regarding FLT3-ITD and NPM1 mutational status in patients with acute myeloid leukemia. *Haematologica*. 2015;100(3):e97–e98.
2. Weinkauff R, Estey EH, Starostik P, Hayes K, Huh YO, Hirsch-Ginsberg C, et al. Use of peripheral blood blasts vs bone marrow blasts for diagnosis of acute leukemia. *Am J Clin Pathol*. 1999;111(6):733–740.
3. Hütter G, Letsch A, Nowak D, Poland J, Sinha P, Thiel E, et al. High correlation of the proteome patterns in bone marrow and peripheral blood blast cells in patients with acute myeloid leukemia. *J Transl Med*. 2009;7(1):7.

4. Zeng AGX, Bansal S, Jin L, Mitchell A, Chen WC, Abbas HA, et al. A cellular hierarchy framework for understanding heterogeneity and predicting drug response in acute myeloid leukemia. *Nat Med.* 2022;28(6):1212–1223.
5. Bottomly D, Long N, Schultz AR, Kurtz SE, Tognon CE, Johnson K, et al. Integrative analysis of drug response and clinical outcome in acute myeloid leukemia. *Cancer Cell.* 2022;40(8):850–864.e9.
6. Benard BA, Leak LB, Azizi A, Thomas D, Gentles AJ, Majeti R. Clonal architecture predicts clinical outcomes and drug sensitivity in acute myeloid leukemia. *Nat Commun.* 2021;12:7244.
7. Newman AM, Steen CB, Liu CL, Gentles AJ, Chaudhuri AA, Scherer F, et al. Determining cell type abundance and expression from bulk tissues with digital cytometry. *Nat Biotechnol.* 2019;37(7):773–782.
8. Horibata S, Gui G, Lack J, DeStefano CB, Gottesman MM, Hourigan CS. Heterogeneity in refractory acute myeloid leukemia. *Proc Natl Acad Sci.* 2019;116(21):10494–10503.

SB34

İstanbul'daki Suriye Uyruklu Çocukların Aşılmasının Spatial Analizi

Berfu Parçalı^{1*}, Fezan MUTLU²

¹ Eskişehir Osmangazi Üniveristesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 26480, Eskişehir, TÜRKİYE

² Eskişehir Osmangazi Üniveristesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 26480, Eskişehir, TÜRKİYE

* Sorumlu yazar: berfuparcali@gmail.com

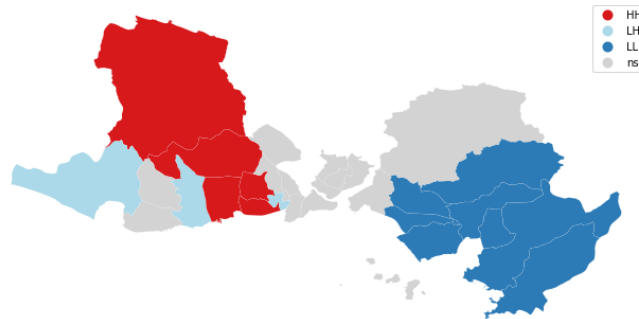
Amaç: Bu çalışmada, spatial analiz yöntemiyle İstanbul'da yaşayan 0-48 aylık Suriye uyruklu çocukların mekânsal dağılımı ve bu yaş grubuna ait İstanbul'da ikamet eden Suriyeli çocukların toplam nüfusu içindeki aşılama oranlarının incelenmesi amaçlanmıştır.

Yöntem: Spatial analiz, bir veri setindeki konumsal özellikleri değerlendirmek için kullanılan istatistiksel ve matematiksel yöntemlerin kombinasyonudur. Spatial analiz, verilerin uzamsal olduğu durumlarda kullanışlı olan bir yöntem olarak tanımlanabilir (1).

Global Moran's I hem özellik konumlarına hem de özellik değerlerine dayalı olarak mekânsal otokorelasyonu aynı anda ölçer. Bir dizi özellik ve ilişkili bir nitelik verildiğinde, ifade edilen coğrafi birimdeki değeri ile bu birimin komşu coğrafi birimlerdeki değerler arasındaki ilişkiyi değerlendirir. Global Moran's I endeksi değerini ve bu endeksin önemini değerlendirmek için hem z-puanını hem de p-değerini hesaplar (2).

Bulgular: Spatial analiz sonuçları Şekil 1'de gösterilmiştir. Şekil 1'de yer alan gri bölgeler istatistiksel olarak anlamlı olmayan bölgelerdir. HH, HL, LL ve LH, genellikle coğrafi istatistiklerde, özellikle de Global Moran's I ve LISA (Local Indicators of Spatial Association) analizlerinde kullanılan göstergelerdir.

- **HH (High-High):** Yüksek bir değere sahip bir bölge, kendisi gibi yüksek değerlere sahip komşu bölgelerle çevrilidir. Bu durum, yüksek değerlerin kümelenmesini gösterir.
- **LL (Low-Low):** Düşük bir değere sahip bir bölge, kendisi gibi düşük değerlere sahip komşu bölgelerle çevrilidir. Bu durum, düşük değerlerin kümelenmesini gösterir.
- **LH (Low-High):** Düşük bir değere sahip bir bölge, yüksek değerlere sahip komşu bölgelerle çevrilidir. Bu, bir tür olumsuz uyumsuzluğu veya potansiyel bir anomaliyi gösterir (3).



Şekil 1 Global Moran's I Sonuçları

Analiz sonuçlarına göre: Global Moran's I = 0.307009, P-value<0.001, Z-score = 4.984547

Sonuç ve Tartışma: İstanbul’da yaşayan 0-48 aylık Suriye uyruklu çocukların mekânsal aşılama verileri arasında pozitif otokorelasyon bulunmuştur ($p<0.001$). Yani benzer özelliklere sahip veriler, coğrafi olarak birbirine yakın bölgelerde yoğunlaşmaktadır. Spatial Analiz sonuçlarına göre, coğrafi olarak yakın bölgelerde benzer değerler kümelenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Spatial Analiz, Geçici Koruma, Global Moran's I, LISA (Local Indicators of Spatial Association)

Kaynaklar

[1] Goodchild, M. F., & Longley, P. A. (1999). The future of GIS and spatial analysis. *Geographical information systems*, 1, 567-580.

[2] Boots, B. N., & Getis, A. (2020). *Point pattern analysis*.

[3] Marble, D. F. (1990). Geographic information systems: an overview. *Introductory readings in geographic information systems*, 3(4), 8.

SB35

Diyabetik Retinopati Tanısında Sınıflandırma Algoritmalarının Etkinliğinin İncelenmesi

Ayşe YAVUZ DERMAN^{1,2*}, Meriç YAVUZ ÇOLAK¹

¹ Başkent Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

² Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara, Türkiye.

* Sorumlu Yazar: aysederman@baskent.edu.tr

Amaç: Diyabet Retinopati, diyabete bağlı olarak yüksek kan şekeri seviyelerinin neden olduğu gözün arka tarafında retina tabakasına, özellikle retina damarlarına zarar veren diyabetin ciddi bir komplikasyonudur. Diyabetik Retinopati hastalığının ciddi sonuçlarını önlemek için erken tespiti kritik öneme sahiptir. Mikroanevrizmalar, kanamalar ve eksüdatlar gibi diyabetik retinopatinin erken tanısını belirlemek için makine öğrenmesi, ensemble learning ve derin öğrenme algoritmaları kullanılır. Bu modeller ile veri seti eğitilerek hastalıkla ilgili tespitler yapılabilir, tanı doğruluğu iyileştirilebilir ve daha hızlı, invaziv olmayan taramalar sağlanabilir. Bu çalışma, Diyabetik Retinopati hastalığı tanısında, makine öğrenmesi, ensemble learning ve derin öğrenme algoritmalarının sınıflandırma başarılarını karşılaştırmayı amaçlamaktadır. Ayrıca, sınıflandırma performansı en yüksek algoritmaya Grid Search yöntemiyle hiperparametre optimizasyonu uygulanarak, model başarısının artırılması hedeflenmiştir.

Yöntem: Çalışmada Kaggle üzerinden erişim sağlanan açık kaynak Retinopathy Detection Debrecen veri seti kullanıldı. Veri setinde 1151 hastanın Messidor görüntü setinden türetilen özellikler bulunmaktadır. Özellikler, tespit edilen lezyonları, anatomik yapıların tanımlayıcı özelliklerini veya görüntü düzeyindeki tanımlayıcıları temsil etmektedir. Çalışmada algoritmaları çalıştırmak için Phtyon dili tercih edilmiştir. Özellikler, ensemble learning algoritmalarından Random Forest, Gradient Boosting, AdaBoost, XGBoost; makine öğrenmesi algoritmasından Lojistik Regresyon, Destek Vektör Makineleri (SVM), k En Yakın Komşu (k-NN) ve Naive Bayes; ve derin öğrenme algoritmalarından Multilayer Perceptron (MLP), Long Short Term Memory (LSTM) girdi olarak verilip Diyabetik Retinopati tanısı yapılmıştır. Özellik seçim yöntemlerine göre sınıflandırıcıların performansları, Doğruluk, Duyarlılık, Kesinlik ve F1 skor ölçütleri kullanılarak karşılaştırılmıştır.

Bulgular: Çalışmada Diyabetik Retinopati tanısı için belirlenen özellikler ile yapılan sınıflandırmalarda en yüksek model doğruluk performansı 0.76 ile Lojistik Regresyon ve 0.76 ile Long Short Term Memory (LSTM) algoritmaları göstermiştir. Long Short Term Memory (LSTM) modelinin eğitimi genellikle yüksek işlem gücü gerektirirken, Lojistik Regresyon daha hızlı çalışır ve hiperparametreleri daha basit olduğu için Grid Search yöntemiyle optimizasyonu gerçekleştirilmiştir. En yüksek başarıyı sağlayan algoritma olan Lojistik Regresyon, Grid Search yöntemiyle gerçekleştirilen hiperparametre optimizasyonu sonucunda doğruluk oranını 0.77'ye yükselterek daha yüksek bir performansa ulaşmıştır.

Sonuç ve Tartışma: Bu çalışmada, Diyabetik Retinopati ön tanısında sınıflama algoritmalarının etkinlikleri incelemiştir. Diyabetik Retinopati tanısında en yüksek model doğruluk performansı 0.76 ile Lojistik Regresyon göstermiştir ve Grid Search yöntemiyle gerçekleştirilen hiperparametre optimizasyonu sonucunda doğruluk oranını 0.77'ye yükselterek daha yüksek bir performansa ulaşmıştır. Çalışma, Diyabetik Retinopatinin erken ve doğru tespiti için model performansını iyileştiren algoritmalar sunduğu için, klinik uygulamalarda potansiyel faydalar sağlayabilir. Farklı veri setleri ile çalışılabileceği gibi bu çalışmada kullanılan veri seti için iyileştirmeler yapılabilir.

Anahtar Kelimeler: Diyabetik Retinopati, Derin Öğrenme, Ensemble Learning, Makine Öğrenmesi

Kaynaklar

- [1] Bhatia, K., Arora, S., & Tomar, R. (2016, October). Diagnosis of diabetic retinopathy using machine learning classification algorithm. In 2016 2nd international conference on next generation computing technologies (NGCT) (pp. 347-351). IEEE.
- [2] Ramaha, N., & Imad, S. Derin Öğrenmeye Karşı Makine Kullanarak Diyabetik Retinopati Teşhisi. Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi, (51), 301-313.
- [3] Reddy, G. T., Bhattacharya, S., Ramakrishnan, S. S., Chowdhary, C. L., Hakak, S., Kaluri, R., & Reddy, M. P. K. (2020, February). An ensemble based machine learning model for diabetic retinopathy classification. In 2020 international conference on emerging trends in information technology and engineering (ic-ETITE) (pp. 1-6). IEEE.
- [4] Nielsen, K. B., Lautrup, M. L., Andersen, J. K., Savarimuthu, T. R., & Grauslund, J. (2019). Deep learning–based algorithms in screening of diabetic retinopathy: a systematic review of diagnostic performance. *Ophthalmology Retina*, 3(4), 294-304.
- [5] Sungur, F., & Bakır, H. (2024). Hiperparametre ayarlama ve veri dengelemenin kalp hastalığı tahmini için kullanılan makine öğrenimi algoritmaları üzerindeki etkilerinin incelenmesi. *Bilişim Teknolojileri Dergisi*, 17(1), 45-58.
- [6] Retinopathy Detection Debrecen. (2019, 11 Şubat). In Kaggle. <https://www.kaggle.com/datasets/namigabbasov/diabetic-retinopathy-debrecen/data>
- [7] Gulshan, V., Peng, L., Coram, M., Stumpe, M. C., Wu, D., Narayanaswamy, A., ... & Webster, D. R. (2016). Development and validation of a deep learning algorithm for detection of diabetic retinopathy in retinal fundus photographs. *JAMA*, 316(22), 2402-2410.
- [8] Polater, S. N., & Isık, A. H. (2024). Diyabetik Retinopati Tespiti İçin Derin Öğrenmeye Dayalı Sınıflandırma. *Uluborlu Mesleki Bilimler Dergisi*, 7(2), 13-19.

SB36

Boy Uzunluğu İçin Pediatrik Büyüme Hızı Eğrilerinin Oluşturulması: Bir Simülasyon Çalışması

Eda ÇAKMAK^{1*}, Eylem GÜL ATEŞ², Ferhat ÜNAL², Mehtap AKÇİL OK¹

¹ Başkent Üniversitesi Sağlık Bilimleri Fakültesi, Ankara

² Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Kurumsal Büyük Veri Yönetim Koordinatörlüğü, Ankara

* Sorumlu yazar: edacakmak@baskent.edu.tr

Amaç: Büyüme, doğumdan itibaren hızla başlar ve zamanla yavaşlayan bir eğilim gösterir. Yaşa bağlı büyüme hızı persentilleri, özellikle erken çocukluk dönemindeki hızlı ve değişken büyüme sürecini izlemek için önemli bir göstergedir. Çocukların her ay düzenli olarak yapılan antropometrik ölçümleri, boylamsal takip yöntemiyle büyüme hızının detaylı bir şekilde incelenmesini sağlar. Bu çalışmanın amacı, cinsiyete göre 2, 3, 4 ve 6 aylık dönemlerdeki boy uzunluğu artış hızlarını ve persentillerini simülasyon verisi kullanarak modellemek ve büyüme hızı eğrilerini oluşturmaktır.

Yöntem: Simülasyon verisinin oluşturulmasında, önceki çalışmalardan elde edilen kız çocuklarına ait yaşa bağlı boy uzunluğu verileri referans alınmıştır. Simülasyon çalışmasında, “gamlss.dist 6.1-1” paketinde yer alan rNO fonksiyonu kullanılarak 0-12 aylık boy uzunluğu verileri üretilmiş ve her yaş dönemi için 500 birimlik örneklem oluşturulmuştur. Büyüme hızı standartlarının oluşturulmasında GAMLSS (Generalized additive model for location, scale and shape) yöntemi kullanılmıştır. Büyüme hızı eğrilerini elde etmede BCPE modeline göre (μ , σ , ν , τ) parametreleri için en iyi etkili serbestlik derecelerini belirlemeden önce yaş üzerinde Box-Cox kuvvet dönüşümü uygulanmıştır. Model performanslarının değerlendirilmesinde GAIC ($\#=3$) değerleri incelenmiştir. Analizler, R 4.1.2 versiyonunda “gamlss 5.4-1” paketi kullanılarak yapılmıştır.

Bulgular: Cinsiyete göre 0-12 ay aralığındaki yaşa bağlı boy uzunluğu simülasyon verisi kullanılarak, 2, 3, 4 ve 6 aylık dönemlerdeki boy artışlarına göre büyüme hızı eğrileri ve (3.–97.) aralığındaki persentilleri oluşturulmuştur. Kız çocuklarının model performansları; 2 ay artış hızı için BCPE ($\lambda=0.53$, $sd_\mu=7.27$, $sd_\sigma=6.26$, $sd_\nu=3.47$, $sd_\tau=3.07$), 3 ay artış hızı için BCPE ($\lambda=0.89$, $sd_\mu=7.04$, $sd_\sigma=6.30$, $sd_\nu=2.26$, $sd_\tau=2.00$), 4 ay artış hızı için BCPE ($\lambda=0.20$, $sd_\mu=6.54$, $sd_\sigma=4.75$, $sd_\nu=2.00$, $sd_\tau=2.00$), 6 ay artış hızı için BCCG ($\lambda=0.38$, $sd_\mu=5.82$, $sd_\sigma=4.22$, $sd_\nu=2.00$) bulunmuştur. Erkek çocuklarının model performansları; 2 ay artış hızı için BCPE ($\lambda=0.38$, $sd_\mu=7.71$, $sd_\sigma=5.25$, $sd_\nu=2.00$, $sd_\tau=3.49$), 3 ay artış hızı için BCPE ($\lambda=0.01$, $sd_\mu=7.47$, $sd_\sigma=6.30$, $sd_\nu=2.00$, $sd_\tau=4.62$), 4 ay artış hızı için BCPE ($\lambda=0.01$, $sd_\mu=6.86$, $sd_\sigma=3.58$, $sd_\nu=2.76$, $sd_\tau=4.51$), 6 ay artış hızı için BCPE ($\lambda=0.01$, $sd_\mu=6.15$, $sd_\sigma=4.68$, $sd_\nu=2.53$, $sd_\tau=2.00$) bulunmuştur.

Sonuç: Türk çocuklarına ait büyüme hızı eğrileri henüz oluşturulmamış olup, bu eğrilerin geliştirilmesi için boylamsal izlem yoluyla yeterli büyüklükte bir gerçek veri setine ihtiyaç vardır. Simülasyon verisinden elde edilen büyüme hızı eğrilerinin WHO standartları ile uyumlu olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışma, mevcut gerçek veri eksikliğini aşmak amacıyla simülasyon verisi kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Bununla birlikte, elde edilen sonuçların daha güvenilir ve genelleştirilebilir hale gelebilmesi için yeterli örneklem büyüklüğüne sahip kapsamlı bir gerçek veri seti üzerinde çalışmalar sürdürülecektir.

Anahtar Kelimeler: Büyüme hızı, GAMLSS, Büyüme Persentilleri, Boy uzunluğu

Kaynaklar

[1] World Health Organization. Nutrition for Health. WHO child growth standards: growth velocity based on weight, length and head circumference: methods and development. 2009, World Health Organization: Geneva.

[2] Çakmak, E., Kılıç, S., Özdemir, P., & Karağaoğlu, E. (2023). Body Mass Index Growth Curves for Birth to 24 Months Children in Ankara with RefCurv Software. *Balkan medical journal*, 40(4), 271.

[3] Çakmak, E. Pediatrik Büyüme Eğrilerinin Model Performanslarının GAMLSS Yöntemi ile İncelenmesi ve Kantil Regresyon Yöntemi İle Karşılaştırılması, Hacettepe Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Biyoistatistik Programı Doktora Tezi, Ankara, 2023.

SB37

RNA Dizileme Verileri Üzerinde Boyut İndirgeme Yöntemlerinin Kümeleme Analizi Performansına Etkisinin Benzetim Çalışması ile Değerlendirilmesi

Çağla ŞAFAK^{1*}, Atilla Halil ELHAN¹, Dinçer GÖKSÜLÜK², Can ATEŞ³, Beyza DOĞANAY¹

¹ Ankara Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara.

² Erciyes Üniversitesi Tıp Fakültesi, Temel Tıp Bilimleri, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Kayseri.

³ Aksaray Üniversitesi Temel Tıp Bilimleri Bölümü Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, Aksaray.

* Sorumlu yazar: caglasafak01@gmail.com

Amaç: Bu çalışmanın amacı, RNA Dizileme verileri üzerinde doğrusal ve doğrusal olmayan boyut indirgeme yöntemlerinin farklı örneklem büyüklükleri ve değişken sayılarında kümeleme analizi sonuçlarına olan etkisini araştırmaktır. Çalışmada beş farklı boyut indirgeme yönteminin K-Ortalamalar ve Hiyerarşik Kümeleme sonuçlarına etkisi, çeşitli senaryolara göre karşılaştırılarak değerlendirilmiştir.

Yöntem: Boyut indirgeme, verinin yüksek boyutlu temsilinin önemli bilgileri kaybetmeden düşük boyutlu bir temsile dönüştürülmesi olarak ifade edilmektedir (1). Yüksek boyutlu verilerin analiz edilmesinde ön işlem olarak da görülen boyut indirgeme yöntemleri doğrusal ve doğrusal olmayan boyut indirgeme yöntemleri olarak ikiye ayrılmaktadır (2). Bu çalışmada Temel Bileşen Analizi (TBA), Çok Boyutlu Ölçekleme (ÇBÖ) ve Bağımsız Bileşenler Analizi (BBA) olmak üzere üç doğrusal, Isomap ve t-dağıtılmış Stokastik Komşu Gömme (t-SNE) olmak üzere iki doğrusal olmayan boyut indirgeme yöntemi ele alınmıştır. Yüksek boyutlu verilerin kümelenebilmesi için, verideki gizli desenlerin keşfedildiği denetimsiz bir yöntem olan Kümeleme Analizi uygulanmıştır (3).

Benzetim çalışmasında değerlendirilmek üzere 27 farklı senaryo oluşturulmuş olup, her bir senaryo için RNA Dizileme verileri R programlama dili paketlerinden “NBLDA” içerisinde yer alan “generateCountData” fonksiyonu kullanılarak (4) türetilmiştir. Verilerde kullanılan örneklem büyüklükleri “n=100, 1000, 5000”, değişken sayıları “p=100, 1000, 5000” ve küme sayıları “k=2, 3, 10” olarak belirlenmiştir. Boyut indirgeme yöntemleri veri setlerine uygulanarak, K-Ortalamalar ve Hiyerarşik Kümeleme yöntemleri ile analiz edilmiştir. Performans ölçümü için Silüet Katsayısı kullanılmıştır.

Bulgular: Çalışmada farklı örneklem büyüklüğü, değişken sayısı ve küme sayısı ile elde edilen RNA Dizileme verilerine uygulanan boyut indirgeme yöntemlerinin kümeleme performanslarını arttırdığı gözlenmiştir. Özellikle değişken (p=1000 veya p=5000) ve örneklem büyüklüğü sayısı (n=1000 veya n=5000) arttıkça, Silüet Katsayıları'nın yaklaşık 0,80'e kadar çıktığı görülmüştür. Örneklem büyüklüğü n=100 olduğu durumlarda, k=2 ve k=3 için boyut indirgeme yöntemlerinin k=10 olduğu durumlara göre kümeleme performanslarını daha çok arttırdığı görülmüştür. Örneklem büyüklüğü ve değişken sayısı arttıkça tüm küme sayıları için performansların arttığı görülmüştür. Hem K-Ortalamalar hem de Hiyerarşik Kümeleme için, boyut indirgeme yapılmadan gerçekleştirilen analizlerde, kümeleme performansının oldukça düşük olduğu (Silüet Katsayısı≈0,10) gözlenmiştir. Ancak boyut indirgeme yöntemlerinin uygulanmasıyla birlikte, değişken ve küme sayıları arttıkça, k=2 ve k=3 küme sayıları için ÇBÖ, BBA ve t-SNE yöntemlerinin, k=10 için özellikle t-SNE yönteminin kümeleme performansını önemli ölçüde artırdığı tespit edilmiştir.

Sonuç ve Tartışma: Bu çalışmada, RNA Dizileme verilerine uygulanan boyut indirgeme yöntemlerinin kümeleme analizleri üzerindeki performansları detaylı bir şekilde karşılaştırılmıştır. Çalışma sonuçlarına

göre, t-SNE ve ÇBÖ yöntemleri genel olarak kümeleme performansını en fazla artıran yöntemlerdir. Özellikle yüksek boyutlu verilerde boyut indirgeme yapılmasının, analiz sonuçlarını önemli ölçüde iyileştirdiği görülmüştür. Isomap yöntemi ise büyük veri setlerinde başarısız olmuştur. Bu sonuçlar, boyut indirgeme yöntemlerinin kullanımının, kümeleme analizlerinde daha doğru ve güvenilir sonuçlar elde etmek için önemli bir veri ön işleme adımı olduğunu göstermektedir. Ancak, literatürde benzer çalışmalar incelendiğinde (5, 6) kümelerde önceden belirlenmiş alt kümeleri yakalama açısından hiçbir kombinasyonun her zaman doğru sonuç veremeyeceği gösterilmiştir. Bu nedenle, veri setinde en iyi sonuca ulaşabilmek için, birden fazla alternatifin karşılaştırılması uygun bir tercih olarak ele alınmalıdır.

Anahtar Kelimeler: Boyut İndirgeme, Doğrusal Boyut İndirgeme Yöntemleri, Doğrusal Olmayan Boyut İndirgeme Yöntemleri, Silüet Katsayısı.

Kaynaklar

- [1] Meng, C., Zeleznik, O.A., Thallinger, G.G., Kuster, B., Gholami, A.M. & Culhane, A.C. (2016). Dimension reduction techniques for the integrative analysis of multi-omics data. *Brief. Bioinform.* 17, 628-641. doi: 10.1093/bib/bbv108.
- [2] Ross, I. (2009). Nonlinear dimensionality reduction methods in climate data analysis. [Doktora Tezi]. University of Bristol.
- [3] Pavithra, M. and Parvathi, R.M.S. (2017). A Survey on Clustering High Dimensional Data Techniques *Int. J. Appl. Eng. Res.* 12, 2893-2899.
- [4] Göksülük, D., Zararsız, G., Korkmaz, S., Karaağaoğlu, A. E. (2022). NBLDA: Negative Binomial Linear Discriminant Analysis. R package version 1.0.1. <https://CRAN.R-project.org/package=NBLDA>.
- [5] Genç, D. (2023). Validating the clustering quality of K-Means clustering and Agglomerative Hierarchical clustering by means of multiple dimension reduction techniques. [Lisans Tezi]. Erasmus University Rotterdam.
- [6] Lötsch, J., and Ultsch, A. (2023). Comparative assessment of projection and clustering method combinations in the analysis of biomedical data. *Research Square*. doi: <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-2658032/v1>.

SB38

Genetic Link between Lung and Thyroid Cancers: An Analysis Using the GeoSemSim R Package

Hamdi Furkan Kepenek^{1*}, Dinçer Göksülük²

¹ Hacettepe University, Faculty of Medicine, Department of Biostatistics, Ankara

² Erciyes University, Faculty of Medicine, Department of Biostatistics, Ankara

* Sorumlu yazar: h.furkankepenek@gmail.com

Objective: The primary aim of this study is to uncover a potential genetic relationship between lung and thyroid cancers using the GeoSemSim R package and Wang method and to gain a deeper understanding of the biological mechanisms underlying this connection. Specifically, the research investigates whether these two cancer types share common genes and biological pathways and examines the molecular basis of this association. The results of this study aim to identify shared aspects of lung and thyroid cancers and contribute to the development of new therapeutic strategies. Future laboratory experiments, incorporating phenotype parameters, are expected to further validate these findings, thereby facilitating more consistent and meaningful insights into the pathogenesis and treatment of these cancers.

Method: In our study, we used Homo sapiens gene expression data obtained from the org.Hs.eg.db package (HUGO Gene Nomenclature Committee, 2023) to determine genetic similarity between lung and thyroid cancers. Gene Ontology (GO) annotations (The Gene Ontology Consortium, 2015) were added to identify the relationships between genes and their associated biological processes and molecular functions. The semantic similarity between gene GO annotations was calculated using the Gosemsim R package (Yu, Wang, Liu, & Guo, 2010) and the Wang method. Fisher's exact test was applied to assess the significance of ontological similarity between the two cancer types. To determine the biological processes enriched by common genes, we conducted a Gene Ontology enrichment analysis (Gene Ontology Consortium, 2015) and visualized the results through Venn diagrams and heatmaps.

Findings: The analyses conducted using the GeoSemSim R package and Wang method revealed a significant ontological similarity between lung and thyroid cancers. Notably, a high level of similarity was observed in genes involved in biological processes such as cell cycle regulation, signal transduction, and apoptosis. According to the results of Fisher's exact test, this similarity was found to be statistically significant ($p < 0.05$). The Gene Ontology enrichment analysis indicated that the shared genes are enriched in pathways related to cell proliferation and survival. This study demonstrates a genetic relationship between lung and thyroid cancers, suggesting that this relationship is rooted in shared biological processes. These findings imply that both cancer types may develop through common molecular mechanisms and could potentially benefit from similar therapeutic strategies.

Conclusion and Discussion: This study identified a significant genetic similarity between lung and thyroid cancers. In particular, a high level of similarity was observed in genes involved in biological processes such as cell cycle regulation, signal transduction, and apoptosis. These findings suggest that both cancer types may develop through shared molecular mechanisms and could benefit from similar therapeutic strategies. The results could contribute to identifying new targets for personalized cancer therapy. However, the study has some limitations. For instance, the standard algorithms used here do not incorporate artificial intelligence, limiting the research to predefined gene lists and preventing the prediction of potentially related novel genes. Additionally, alternative methods to the Wang method

exist, but a comparative analysis or performance assessment of these methods for optimal selection was not conducted for each analysis.

Future research could focus on evaluating alternative statistical approaches (e.g., statistical modeling, similarity measures, distance metrics) to assess semantic similarity, and using larger, more comprehensive datasets to investigate these relational structures in greater depth. A robust simulation study could further validate these findings. Furthermore, integrating AI-supported methodologies for discovering novel disease-associated genes and conducting method comparisons would enhance the reliability and scope of the results.

Keywords: Gosemsim, Wang method, lung cancer, thyroid cancer, ontological similarity

References

- [1] HUGO Gene Nomenclature Committee (2023). The HUGO Gene Nomenclature Committee (HGNC). [<https://www.genenames.org/>]
- [2] The Gene Ontology Consortium (2015). Gene ontology consortium: going forward. *Nucleic acids research*, 43(Database issue), D1049-D1056.
- [3] Yu, G., Wang, S., Liu, Y., & Guo, B. (2010). GOSemSim: an R package for measuring semantic similarity between Gene Ontology terms and gene products. *Bioinformatics*, 26(18), 2363-2364.

SÖZLÜ BİLDİRİLER (TAM METİN)

SB39

MR Görüntüleri ve Konvolüsyonel Sinir Ağları Transfer Öğrenme Yöntemi Kullanılarak Alzheimer Hastalığının Sınıflandırılması

Işıl Ünalı*, Leman Tomak

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, 55270, Samsun, Türkiye

* Sorumlu Yazar: isilunaldi@gmail.com

Amaç: Demans türleri arasında en sık rastlanılan alzheimer, milyonlarca insanı etkileyerek bugüne kadar bilinen etkili bir tedavisi olmamakla birlikte, ilerlemesini önlemede ve alzheimer yükünü yönetmede erken tanı kritik öneme sahiptir. Alzheimer hastalığının tanısı için süreci iyileştirmek amacıyla derin öğrenme tabanlı KSA (konvolüsyonel sinir ağları) kullanılmaktadır. Bu çalışmada, MR (manyetik rezonans) görüntüleri üzerinden alzheimerin erken tanısı ve sınıflandırılması için KSA kullanılarak sınıflandırma performanslarının değerlendirilmesi amaçlandı.

Yöntem: Çalışmada, Kaggle üzerinden erişim sağlanan açık kaynak “Augmented Alzheimer MRI Dataset” veri seti kullanıldı. Veri seti orijinal verinin artırılmış hali olup veride, toplam 200 hastanın 33984 beyin MR görüntüsü mevcuttur, bunlardan 100’ü (9600 görüntü) demansı olmayan, 28’i (8960 görüntü) hafif demansı olan, 2’si (6464 görüntü) orta derecede demansı olan, 70’i (8960 görüntü) ise çok hafif demansı olan hastalardan oluşmaktaydı. Hastalığın sınıflandırması KSA mimarilerinden EfficientNetB0, ResNet152V2, InceptionV3, DenseNet201, ResNet50, VGG16 ve Xception ile yapıldı. Mimarilerin performansları doğruluk, kesinlik, recall ve AUC ile değerlendirildi. Veri eğitim-test veri seti olmak üzere %80-%20 oranında bölündü. Mimariler GPU desteği ile çalıştırıldı. Veri analizleri Python programlama dili ile Kaggle üzerinden gerçekleştirildi. Python programlama dili TensorFlow ve Keras kütüphaneleri ile birlikte kullanıldı.

Bulgular: Çalışmada en yüksek performansı %99,21 doğruluk, 99,29 kesinlik, %99,18 recall ve %99,97 AUC ile Xception gösterirken, en düşük performansı %94,45 doğruluk, %94,67 kesinlik, %94,36 recall ve %98,42 AUC ile ResNet152V2 gösterdi. Her bir mimari için elde edilen öğrenme eğrileri incelendiğinde Xception ve EfficientNetB0 mimarileri ile hem yüksek performans değerlerine ulaşıldığı, hem de aşırı öğrenmenin minimize edildiği saptandı. En kötü öğrenme eğrilerine sahip mimari VGG16 olarak belirlendi.

Sonuç ve Tartışma: Çalışmada kullanılan tüm mimariler %90’ın üzerinde performans ölçüleri ile çalıştı. Performans ölçüleri ve öğrenme eğrileri sonuçları incelendiğinde, Xception ve EfficientNetB0 mimarilerinin en iyi sonuçları verdiği görüldü. Yapılan ince ayarlar sonucunda VGG16 hariç tüm mimarilerin veri setine uygun ve genellenebilir olduğu, böylelikle tedavisi olmayan alzheimer için erken tanıyı sağlayarak klinisyenlerin yükünü azaltabileceği ve hastalığın ileri evrelerinin sebep olduğu yıkıcı sonuçların önüne geçilebileceği ortaya konulmuş oldu.

Anahtar Kelimeler: Konvolüsyonel sinir ağları, derin öğrenme, beyin MR, Alzheimer, görüntü sınıflama

Giriş

Alzheimer hastalığı, kortikal nöronların ciddi dejenerasyonu ile yavaş ilerleyen nörolojik bir hastalıktır. Beynin kademeli olarak küçülmesi ve beyin hücrelerinin kaybı ile tanımlanır. Bu durum, bilişsel gerilemeye ve bozulmuş sosyal işlevselliğe yol açarak demansa büyük katkıda bulunur. Çoğunlukla önce hafızayı, sonra diğer bilişsel işlevleri etkiler ve evrimi genellikle işlevlerin bozulmasına doğru kademeli

olarak ilerler. Halihazırda alzheimer için henüz etkili bir tedavi olmamakla birlikte, erken evrelerde doğru tanı ile gelecekteki tedavi ve hasta bakımı mümkün olabilmektedir. Ayrıca ilerlemesinde önemli bir azalma meydana gelerek, hipokampus (hafızadan ve yeni anıların yaratılmasından sorumlu beyin alanı) kasılır, korteks katlanır ve ventriküllerin boyutu artar [1, 2]. Demans türleri arasında en sık rastlanılan alzheimer, milyonlarca insanı etkileyerek bugüne kadar bilinen etkili bir tedavisi olmamakla birlikte, ilerlemesini önlemede ve alzheimer yükünü yönetmede erken tanı kritik öneme sahiptir [3]. Alzheimer şüphesi olan bir hasta, nörolojik muayene, MR (manyetik rezonans) görüntüleme, B12 vitamini gibi laboratuvar muayeneleri, hastanın tıbbi ve aile geçmişinin yanı sıra diğer testler dahil olmak üzere çeşitli testlerden geçmesi gerekmektedir [4].

MR görüntülerinin koronal anatomik dilimleri, Alzheimer hastalığının erken tanısı için gerekli olan hipokampus ve amigdalanın topografik yapılarını açıkça göstermektedir. MR koronal kesitler, hastalığın erken tanısına yardımcı olan amigdala ve hipokampusun topografik yapılarının karmaşık topografik ilişkilerini incelemek için en iyi şekilde değerlendirmektedir. Erken tanı, hastalığın son aşamasına ilerlemesini önlemeye yardımcı olur. Hastanın hastalığın ciddiyetinin farkında olmasını ve ilerlemesini önlemek için gerekli terapötik ilaçları almasını sağlar [5]. MR görüntüleme, alzheimer karşılık gelen beynin işleyişindeki anatomik değişikliklerin değerlendirilmesine yardımcı olmak için etkili ve invaziv olmayan bir araç sunar. Klinik uygulamada önemli rol oynayarak hastalığın ilerlememesi için birincil araç olarak kabul edilirler. Manuel analiz kullanılarak MR incelemesi oldukça zaman alıcıdır, çünkü tek bir MR görüntüsü bile fazlaca veri ve milyonlarca voksel (hacim ögesi) içerir. Son yıllarda, bilgisayar destekli sistemler kullanılarak alzheimerın doğru bir şekilde tanısı için bazı otomatik tanı modelleri tanıtılmıştır. Alzheimer'a yönelik tedaviler, tanı yöntemlerinde gelişimlerin olmasıyla etkili hale getirilebilmektedir [6].

Alzheimer hastalığının tanısı için süreci iyileştirmek amacıyla derin öğrenme tabanlı yöntemler kullanılmaktadır. Bunlardan en önemlisi KSA'dır (konvolüsyonel sinir ağları). KSA'lar, derin yapay sinir ağlarının bir çeşididir ve tıbbi görüntü analizi de dahil olmak üzere bilgisayarlı görüşle ilgili bir dizi uygulama için sıklıkla kullanılmaktadır [7]. Bu çalışmada, MR (manyetik rezonans) görüntüleri üzerinden alzheimerın erken tanısı ve sınıflandırılması için KSA kullanılarak sınıflandırma performanslarının değerlendirilmesi amaçlandı.

Yöntem

Çalışmada, Kaggle üzerinden erişim sağlanan açık kaynak "Augmented Alzheimer MRI Dataset¹" veri seti kullanıldı. Hastalığın sınıflandırması KSA mimarilerinden EfficientNetB0, ResNet152V2, InceptionV3, DenseNet201, ResNet50, VGG16 ve Xception ile yapıldı. Mimarilerin performansları doğruluk, kesinlik, recall ve AUC ile değerlendirildi. Veri eğitim-test veri seti olmak üzere %80-%20 oranında bölündü. Mimariler GPU desteği ile çalıştırıldı. Veri analizleri Python programlama dili ile Kaggle üzerinden gerçekleştirildi. Python programlama dili TensorFlow ve Keras kütüphaneleri ile birlikte kullanıldı. Aşırı öğrenmeyi azaltabilmek adına uygun düzenleme yöntemleri (dropout, batch normalleştirme) uygulandı.

Veri Seti

Veri setinde demansı olmayan, hafif demansı olan, orta derecede demansı olan ve çok hafif demansı olan olmak üzere toplamda 4 alzheimer evresi yer almaktaydı. Veri seti orijinal verinin² artırılmış hali olup veride, toplam 200 hastanın 33984 beyin MR görüntüsü mevcuttur, bunlardan 100'ü (9600

¹ <https://www.kaggle.com/datasets/uraninjo/augmented-alzheimer-mri-dataset>.

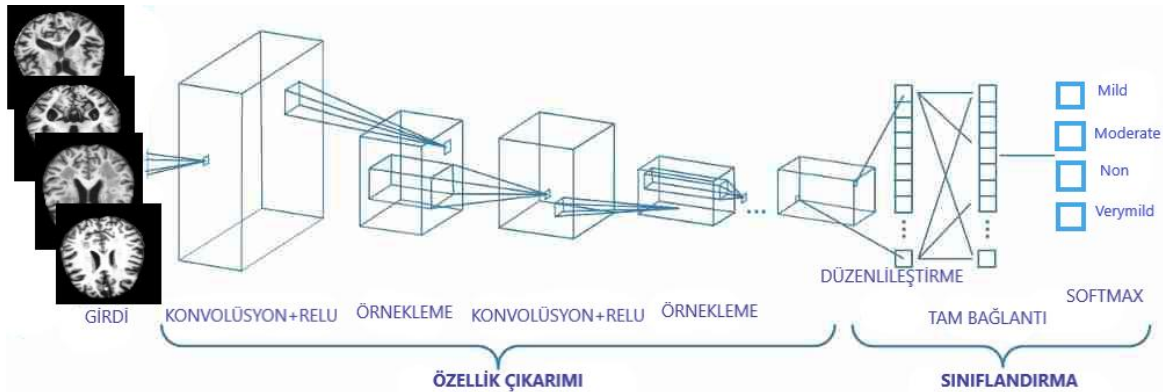
² <https://www.kaggle.com/datasets/marcopinamonti/alzheimer-mri-4-classes-dataset>.

görüntü) demansı olmayan, 28'i (8960 görüntü) hafif demansı olan, 2'si (6464 görüntü) orta derecede demansı olan, 70'i (8960 görüntü) ise çok hafif demansı olan hastalardan oluşmaktaydı [8].

Konvolüsyonel Sinir Ağları

KSA'nın temelinde yatan prensip, konvolüsyonel işlemler yoluyla girdi verilerinden belirgin özellikleri çıkarma becerisinde yatar. Çıkarılan bu özellikler daha sonra birleştirme işlemleri yoluyla daha da rafine edilir ve bu da özellik haritası boyutunda azalmaya sebep olur. Son olarak, bu rafine edilmiş özellikler tam bağlantı katmanları aracılığıyla çıktı katmanına haritalanarak sağlam sınıflandırma ve tanımayı mümkün kılar. KSA'lar, girdi verilerinden özellikleri ve yapısal kalıpları otomatik olarak ortaya çıkarma konusundaki yetenekleriyle, öne çıkan bir derin öğrenme algoritması olarak ortaya çıkmıştır. Bu benzersiz yetenek, KSA'ların sınıflandırma ve tanıma görevlerinde olağanüstü bir duyarlılıkla mükemmelleşmesini sağlar [9].

Bir KSA mimarisi, birkaç temel yapı bloğunun art arda yerleştirilmesinden oluşur: Konvolüsyon katmanı, örnekleme katmanı, tam bağlantı katmanı ve aktivasyon katmanı. Konvolüsyon ve örnekleme katmanları özellik çıkarımını gerçekleştirirken, tam bağlantı katmanı çıkarılan özellikleri sınıflandırma amacıyla son çıktıya eşler. Konvolüsyon katmanı, bir dizi matematiksel ve özel doğrusal işlem (konvolüsyon işlemi, vb.) oluşan KSA'da önemli bir rol oynar. Dijital görüntülerde, piksel değerleri 2D bir ızgarada, yani bir sayı dizisinde saklanır; küçük bir parametre ızgarası ve optimize edilebilir bir özellik çıkarıcı olan çekirdek ise, her görüntü konumuna uygulanır. KSA'ları görüntü işleme konusunda oldukça verimli hale getiren bu işlem, görüntünün herhangi bir yerinden bir özellik oluşturabilmektedir. Bir katman çıktısı bir sonraki katmanı besledikçe, çıkarılan özellikler hiyerarşik ve aşamalı olarak daha karmaşık hale gelebilmektedir. KSA katmanları ve genel işleyişi Şekil 1'de verilmiştir [10].



Şekil 1. KSA katmanları ve genel işleyişi

Veri Ön İşleme ve Veri Artırma

Derin öğrenme modellerinin kullanılmasında süreç ilk olarak verinin okunması ile başlamaktadır. Bunun ardından hemen algoritma çalışmalarına başlanmaz. Öncelikle verinin algoritmalar için uygun hale getirilmesi, bunun için de veri ön işleme adımının gerçekleştirilmesi gerekmektedir [11]. Bu adım, görüntü veri setinde bulunan özelliklerin kalitesini artırmayı amaçlamaktadır [12]. Ön işleme tekniklerinin KSA çerçeveleri üzerindeki etkisi büyük önem taşımaktadır [13]. Sıklıkla kullanılan ön işleme adımları arasında kayıp veri ve dengesiz veri düzenleme, görüntü normalizasyonu ve standartlaştırma, kenar algılama ve segmentasyon, gürültü giderme, veri dönüştürme, aykırı değerlerle başa çıkma, boyut azaltma, verinin bölünmesi ve veri artırma gibi yöntemler bulunmaktadır.

KSA mimarilerinin karmaşıklığı ve artan parametre optimizasyonu dikkate alındığında, gerekli eğitim verilerinin kalitesi buna bağlı olarak daha önemli hale gelir. KSA'nın genelleme performansını ve

sınıflandırma doğruluğunu artırmak için, eğitim veri setlerini genişletmek amacıyla veri artırma yöntemi kullanılmaktadır [14]. Veri artırma, özellikle küçük veri setleriyle çalışırken derin öğrenme yöntemi eğitiminde kritik öneme sahiptir. KSA mimarilerini etkili bir şekilde eğitmek için büyük veri gerektirir ve daha büyük veri setlerinde daha iyi performans gösterdikleri görülmüştür [15]. Temel olarak, mevcut görüntü veri setini dönüştürmek ve bu dönüştürülmüş görüntüleri veri setine eklemek anlamına gelmektedir. Bunu yaparak, eğitim için kullanılan veri seti boyutunu artırmış oluruz [16]. Klinisyen ve doktorlara çeşitli görevlerde yardımcı olmak için geliştirilen bilgisayarlı yöntemlerde, tıbbi görüntülerin artırılması döndürme, çevirme, yeniden boyutlandırma, sıkıştırma, ölçekleme, keskinleştirme, parlaklık değiştirme, kırpma, bulanıklaştırma, kesme gibi tekniklerle sağlanır [17].

Transfer Öğrenme

Transfer öğrenme, önceden eğitilmiş bir modelin, ilk eğitim sırasında edinilen bilgilerinden yararlanılarak yeni bir görev veya alan için ince ayarının yapıldığı bir yaklaşımdır. Bu teknik, açıklamalı veri setlerinin genellikle sınırlı boyutta olduğu tıbbi görüntüleme özellikle yararlıdır. Araştırmacılar, önceden eğitilmiş mimariler kullanarak, mimarinin ImageNet gibi büyük bir veri kümesinde öğrendiği genel özelliklerden faydalanarak, belirli bir tıbbi görüntüleme görevinde iyi performans göstermesi için ince ayar yapabilmektedir [18].

Transfer öğrenmenin başlıca avantajları arasında eğitim süresini kısaltması, sinir ağları için daha iyi performans sağlaması ve sınırlı veri gerektirmesi yer almaktadır. Transfer öğrenme, veri azlığının söz konusu olduğu tıbbi görüntüleme alanındaki araştırmacıların küçük veri setleri üzerinde daha iyi performans elde etmelerini sağlamaktadır. Transfer öğrenmeyi, hedef (yeni veri) ve kaynak (mevcut veri) verilerin aynı alana ait olup olmamasına bağlı olarak alanlar arası (cross-domain) ve modaliteler arası (cross-modal) transfer öğrenme olmak üzere iki türe ayırmak mümkündür. Alanlar arası transfer öğrenme, tıbbi görüntü analizlerinde bir dizi görevi gerçekleştirmek için popüler bir yöntemdir [19].

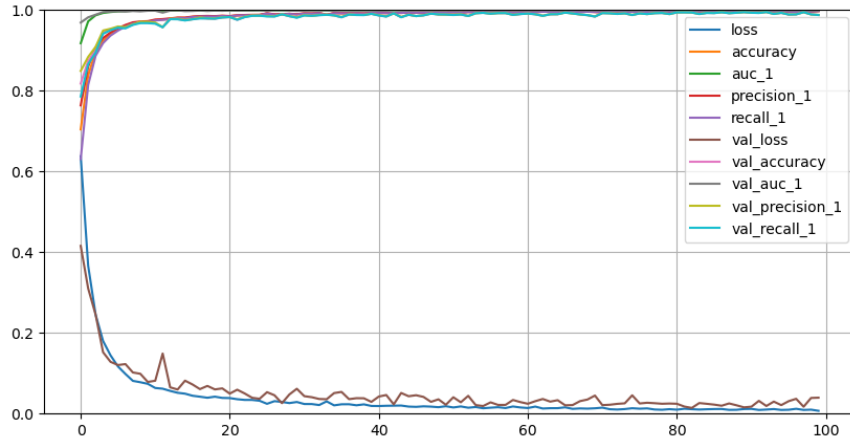
Bulgular

Çalışmada en yüksek performansı gösteren mimari %99,21 doğruluk, %99,29 kesinlik, %99,18 recall, %99,97 AUC değerleri ile Xception olurken, en düşük performansa sahip mimari %94,45 doğruluk, %94,67 kesinlik, %94,36 recall, %98,42 AUC ile ResNet152V2 oldu. Mimarilerin gösterdikleri performans sonuçları Tablo 1’de verildi.

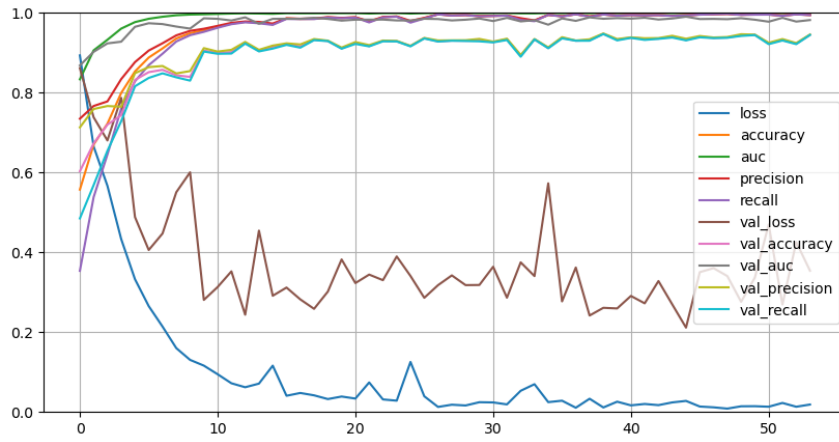
Tablo 1. KSA mimarilerinin sonuçları

	Doğruluk (%)	Kesinlik (%)	Recall (%)	AUC (%)
EfficientNetB0	98,77	98,80	98,77	99,90
ResNet152V2	94,45	94,67	94,36	98,42
InceptionV3	98,03	98,12	98,03	99,74
DenseNet201	98,65	98,71	98,62	99,87
ResNet50	97,00	97,06	96,94	99,48
VGG16	96,83	96,88	96,80	99,41
Xception	99,21	99,29	99,18	99,97

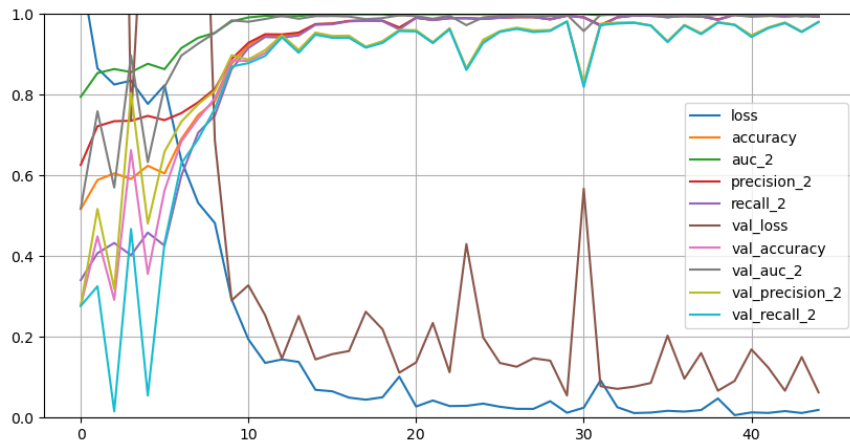
Öğrenme eğrilerinin yapısı, modelin davranışını incelemek, eğitimi ve performansı iyileştirmek bakımından yapılabilecek düzeltmeler için önerilerde bulunmak amacıyla kullanılabilmektedir. Mimarilere ait öğrenme eğrileri Şekil 2-8’de verildi.



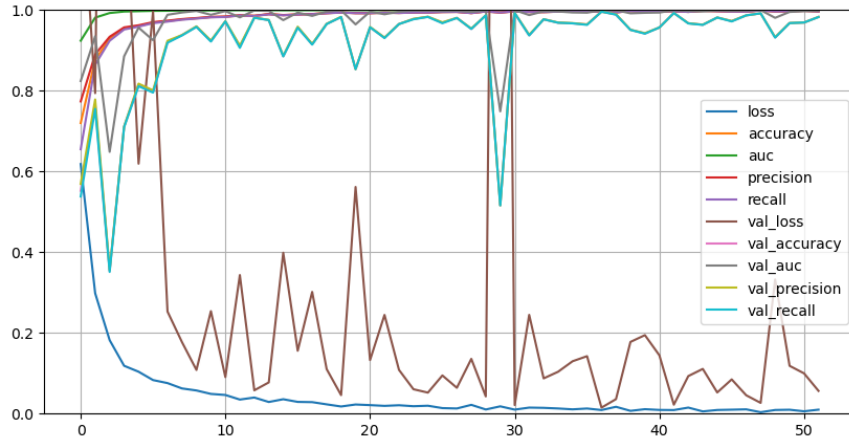
Şekil 2. EfficientNetB0 öğrenme eğrileri



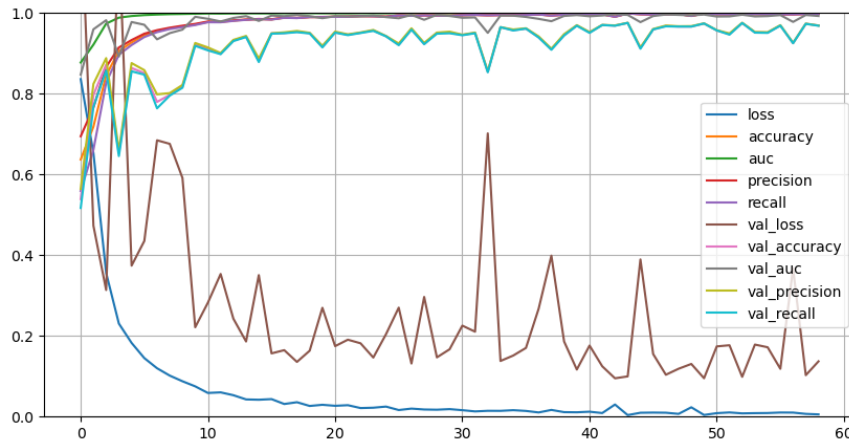
Şekil 3. ResNet152V2 öğrenme eğrileri



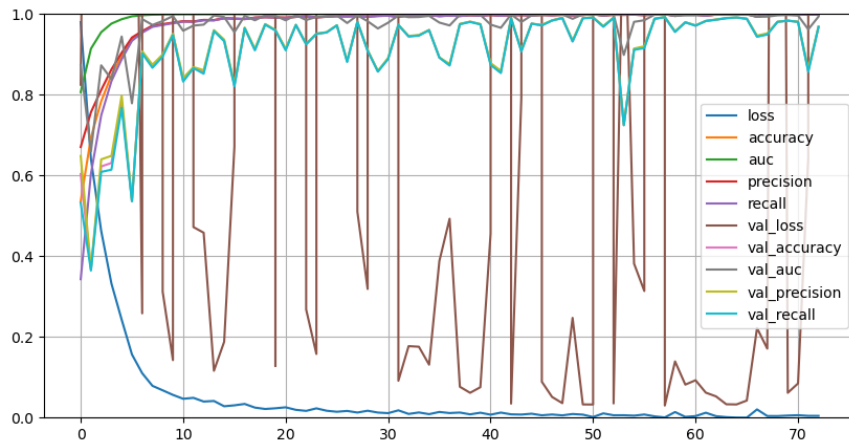
Şekil 4. InceptionV3 öğrenme eğrileri



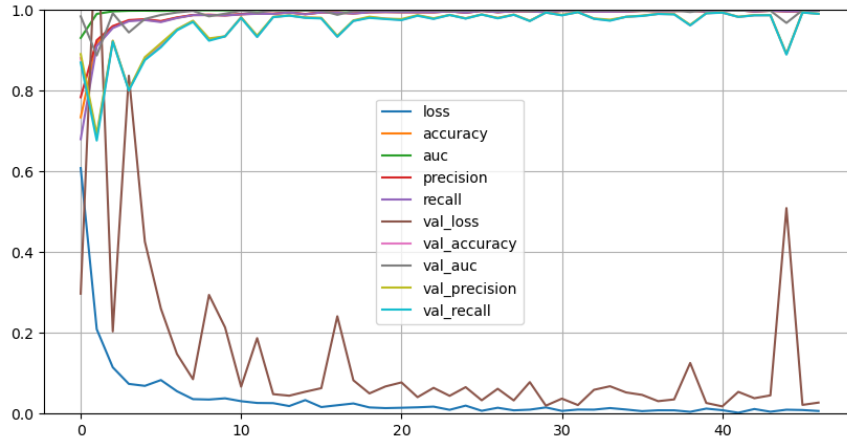
Şekil 5. DenseNet201 öğrenme eğrileri



Şekil 6. ResNet50 öğrenme eğrileri



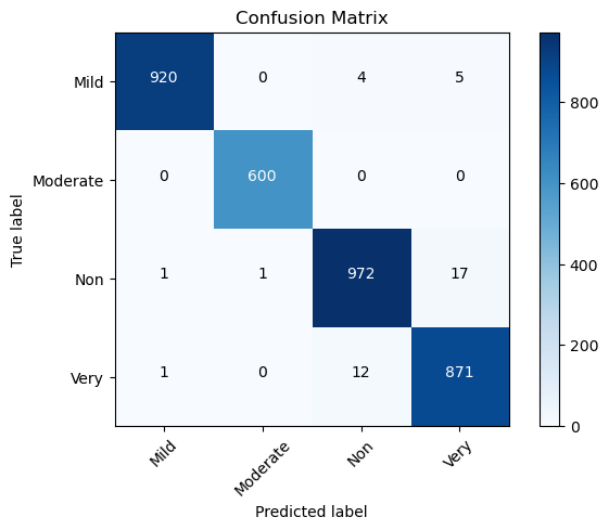
Şekil 7. VGG16 öğrenme eğrileri



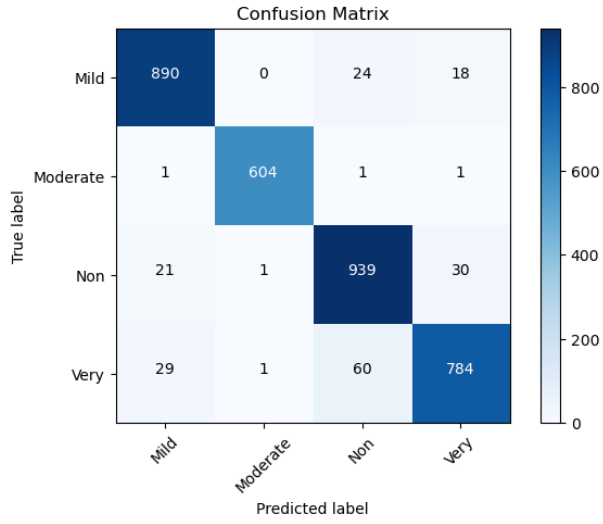
Şekil 8. Xception öğrenme eğrileri

Her bir mimari için elde edilen öğrenme eğrileri incelendiğinde Xception ve EfficientNetB0 mimarileri ile hem yüksek performans değerlerine ulaşıldığı, hem de aşırı öğrenmenin minimize edildiği saptandı. En kötü öğrenme eğrilerine sahip mimari VGG16 olarak belirlendi.

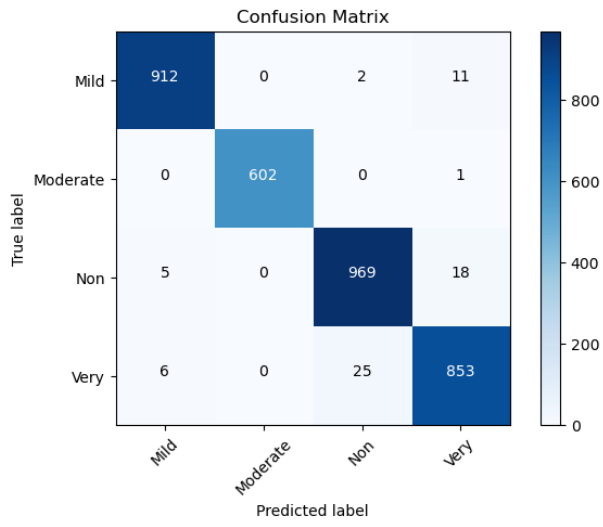
Mimarilere ilişkin karışıklık matrisleri Şekil 9-15’de verildi.



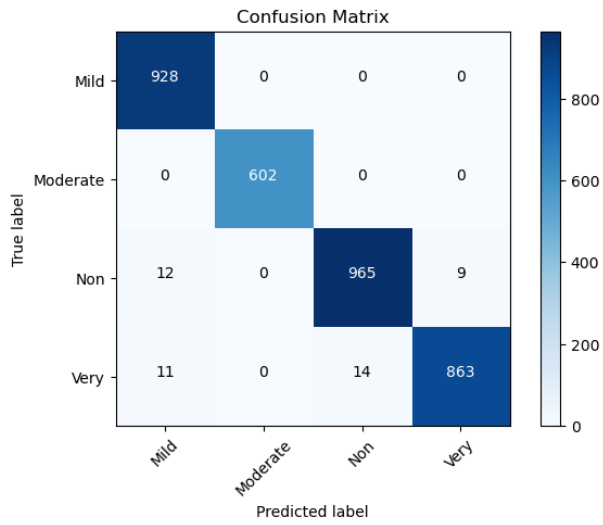
Şekil 9. EfficientNetB0 karışıklık matrisi



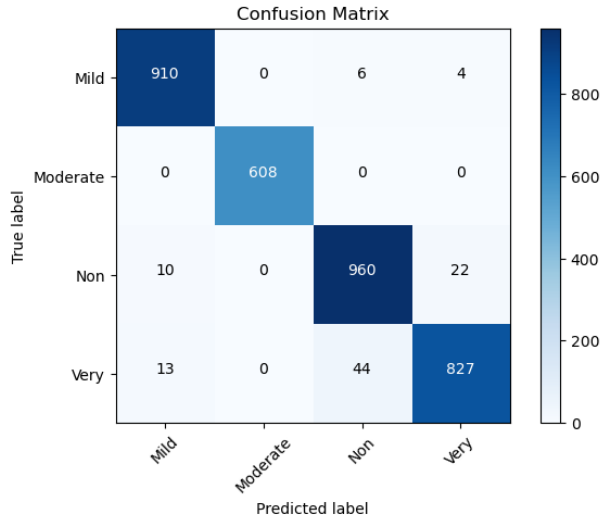
Şekil 10. ResNet152V2 karışıklık matrisi



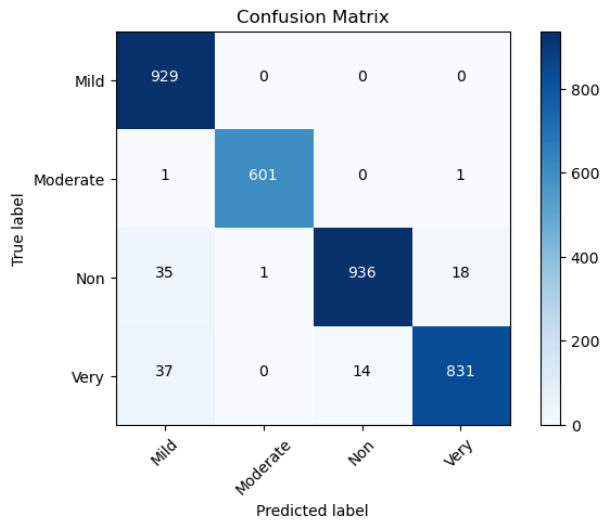
Şekil 11. InceptionV3 karışıklık matrisi



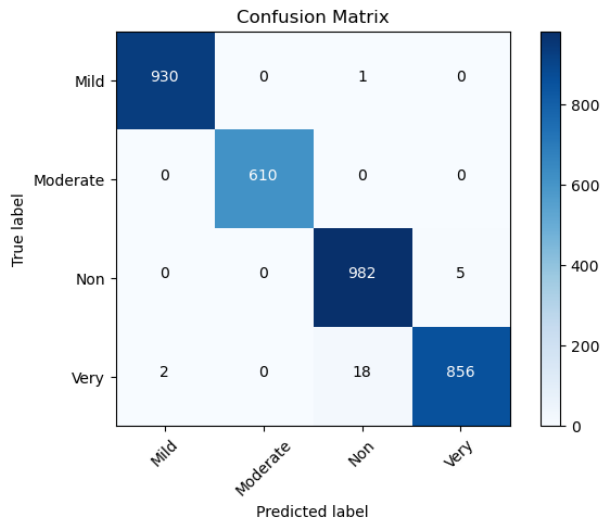
Şekil 12. DenseNet201 karışıklık matrisi



Şekil 13. ResNet50 karışıklık matrisi



Şekil 14. VGG16 karışıklık matrisi



Şekil 15. Xception karışıklık matrisi

Sonuç ve Tartışma

Demans türleri arasında en sık rastlanılan alzheimer, milyonlarca insanı etkileyen ve bugüne kadar bilinen etkili tedavisi olmayan bir hastalıktır. İlerlemesini önlemede, erken tanı alzheimer yükünü yönetmede kritik öneme sahiptir [3]. Erken tanı ile, hastalığın ilk evrelerinde tedaviye başlanması durumunda beyinde kalıcı hasar oluşmadan hastalık geciktirilebilir [20]. Yapay zeka kullanarak alzheimer tanısı için çok çeşitli çalışmalar yapılmakta, makine öğrenimi ve derin öğrenme algoritmalarını kullanan MR tabanlı sınıflandırma yöntemleri yaygın şekilde kullanılmaktadır. Bu gelişmeler ile alzheimer hastalığının erken tanısında görüntü tanıma, derin öğrenme yöntemleri kullanılarak gerçekleştirilebilmektedir [21].

Bu çalışma ile sonuç olarak, alzheimer tanısında, EfficientNetB0, ResNet152V2, InceptionV3, DenseNet201, ResNet50, VGG16 ve Xception mimarilerinin %90'ın üzerinde performans ölçüleriyle yüksek performansla çalıştıkları tespit edildi. Performans ölçüleri ve öğrenme eğrileri sonuçları incelendiğinde, Xception ve EfficientNetB0 mimarilerinin en iyi sonuçları verdiği, veri setinin ve yapılan ince ayarların bu mimariler için uygun ve mimarilerin genellenebilir olduğu söylenebildi. Aşırı öğrenme açısından en kötü öğrenme eğrilerine sahip mimari VGG16 olarak belirlendi. Bu da bu mimariye farklı ön işleme ve ince ayarlar uygulanması gerektiği anlamına gelmektedir.

Literatürde, beyin MR görüntülerinden Alzheimer tanısında KSA'ların kullanımına ilişkin çeşitli çalışmalar bulunmaktadır. El-Geneedy vd. [22] çalışmalarında, MR görüntüleri üzerinden alzheimer hastalığının doğru tanısı için KSA mimarilerinden DenseNet121, ResNet50, VGG16, EfficientNetB7, InceptionV3, kendi önerdikleri modeli kullanmışlar, VGG16 ile %96,39 doğruluk, DenseNet121 ile %96,29 doğruluk, ResNet50 ile %89,85 doğruluk, InceptionV3 ile %87,71 doğruluk, EfficientNetB7 ile %48,68 doğruluk değerleri elde etmişlerdir. Ghaffari vd. [23], beyin MR görüntülerini kullanarak alzheimerın hem ikili hem de çoklu sınıflandırması için farklı otomatik KSA tabanlı transfer öğrenme yöntemini kullanmışlardır. İkili ve çoklu sınıflandırma için InceptionV3 ile ADNI (Alzheimer's Disease National Initiative) verisi üzerinde %93,75 doğruluk değerine, OASIS verisi için yine InceptionV3 mimarisi ile ikili sınıflamada %93,33 doğruluk, çoklu sınıflamada %95,00 ile en yüksek doğruluk değerine ulaşmışlardır. Xception ile elde ettikleri en yüksek değerler, ADNI verisi ile çoklu sınıflamada %87,50 olmuştur. Hussain vd. [24] çalışmalarında InceptionV3, Xception, MobilenetV2, VGG19 mimarilerini kullanmışlar, beyin MR görüntüleri kullanılarak alzheimerın ikili sınıflaması için OASIS verisi üzerinde kendi sundukları model ile %97,75 doğruluk, InceptionV3 ile 90,62 doğruluk, Xception ile %84,37 doğruluk, MobileNetV2 ile %81,24 doğruluk, VGG19 ile %50,00 doğruluk değerlerine ulaşmışlardır. Khan vd. [25], alzheimerın çeşitli evrelerini sınıflandırmak için transfer öğrenme tabanlı bir yaklaşım önermişler, ADNI veri setini kullanmışlar, önceden eğitilmiş VGG16 ve VGG19 mimarilerini kullanarak mimarileri yeni şekilde ayarlamışlardır. Önerdikleri VGG16+ALFB modeli ile %97,12 doğruluk, önerdikleri VGG19+ALFB ile %98,47 doğruluk, DenseNet ile %92,70 doğruluk, InceptionResNetV2 ile %85,82 doğruluk, AlexNet ile %89,33 doğruluk, InceptionV3 ile %88,33 doğruluk, ResNet101 ile %91,56 doğruluk, ResNet50 ile %93,98 doğruluk elde etmişlerdir. Awang vd. [26] çalışmalarında, MR görüntülerini kullanarak alzheimerın farklı evrelerine tanı koymak için DenseNet201 tabanlı bir transfer öğrenme yöntemi kullanmışlardır. Veri setinin boyutunu genişletmek ve DenseNet201'in doğruluğunu artırmak için veri artırma yöntemleri kullanmışlardır. 5 sınıflı AD5C veri seti üzerinden analizi gerçekleştirerek %98,24 doğruluk değerine ulaşmışlardır.

Bu çalışma ve literatürdeki çalışmalar karşılaştırıldığında, VGG16 hariç tüm mimariler ile daha iyi sonuçlar elde edildiği saptandı. Bu farklılığın nedenleri, farklı veri seti kullanımları, farklı ince ayarlar, uygulanan farklı stratejiler ve hiperparametre ayarlamaları, veri seti büyüklüklerinin performans üzerindeki etkilerinin olabileceği şeklinde yorumlandı. Araştırmacıların deneyimleyerek veri setine, problemin niteliğine göre belirlenip ayarlanan hiperparametreler, algoritma farklılıkları, eğitim-test

veri setinin her çalışma için rastgele ve birbirinden bağımsız bir şekilde ayrılması sonucunda, elde edilen sonuçların farklılık gösterebileceği söylenebilmektedir. Farklı sonuçlar olmasına karşın KSA mimarilerinin derin yapılarından dolayı, uygun ince ayarlarla görüntü sınıflandırma görevlerinde %90 üstü ve hatta %100'e ulaşan performans ölçüleriyle iyi performans gösterdikleri birçok çalışma ile kanıtlanmıştır.

Bu çalışmada, alzheimerın MR görüntüleri kullanılarak tanısında KSA yönteminin, veriye uygun mimariler ve dengeli bir veriyle çalışıldığı takdirde klinisyenlere ciddi yardımcı olacak bir yöntem olduğu ve bu sayede hastalığa en kısa sürede tanı konularak, tedavi etkinliğinin artırılacağı, ilerlemenin yavaşlatılacağı, hastalığın yarattığı olumsuzlukların önüne geçilebileceği ortaya konuldu.

Kaynaklar

[1] Ouchicha, C., Ammor, O., & Meknassi, M. (2022). A novel deep convolutional neural network model for Alzheimer's disease classification using brain MRI. *Automatic Control and Computer Sciences*, 56(3), 261-271.

[2] Gautam, P., & Singh, M. (2024). 3-1-3 Weight averaging technique-based performance evaluation of deep neural networks for Alzheimer's disease detection using structural MRI. *Biomedical Physics & Engineering Express*, 10(6), 065027.

[3] Sorour, S. E., Abd El-Mageed, A. A., Albarrak, K. M., Alnaim, A. K., Wafa, A. A., & El-Shafeiy, E. (2024). Classification of Alzheimer's disease using MRI data based on Deep Learning Techniques. *Journal of King Saud University-Computer and Information Sciences*, 36(2), 101940.

[4] Breijyeh, Z., & Karaman, R. (2020). Comprehensive review on Alzheimer's disease: causes and treatment. *Molecules*, 25(24), 5789.

[5] Raju, M., P. Gopi, V., Anitha, V. S., & Sherawat, A. (2023). Early diagnosis of Alzhiemer's disease using wavelet-pooling based deep convolutional neural network. *Sādhanā*, 48(3), 173.

[6] Roopa, Y. M., Reddy, B. B., Babu, M. R., & Nayak, R. K. (2023). Teaching learning-based brain storm optimization tuned Deep-CNN for Alzheimer's disease classification. *Multimedia Tools and Applications*, 82(21), 33333-33356.

[7] Jiji, G. W. (2023). A Deep Convolutional Neural Network Model for Intelligent Discrimination Between Neurodegenerative Diseases from MR Images. *Wireless Personal Communications*, 132(3), 1637-1649.

[8] Uraninjo (2022). Augmented Alzheimer MRI Dataset. <https://www.kaggle.com/datasets/uraninjo/augmented-alzheimer-mri-dataset/data?select=AugmentedAlzheimerDataset>.

[9] Zhao, Y., Guo, Q., Zhang, Y., Zheng, J., Yang, Y., Du, X., ... & Zhang, S. (2023). Application of deep learning for prediction of alzheimer's disease in PET/MR imaging. *Bioengineering*, 10(10), 1120.

[10] Ergin, T. (2018). Convolutional Neural Network (ConvNet yada CNN) nedir, nasıl çalışır. *Medium*, <https://medium.com/@tuncerergin/convolutional-neural-network-convnetyada-cnn-nedir-nasil-calisir-97a0f5d34cad>,(Son Erişim Tarihi: 17/12/2019).

[11] Özkan, Y. (2021). *Uygulamalı Derin Öğrenme*. İstanbul: Papatya Yayıncılık Eğitim.

[12] Koresh, H. J. (2023). Implementation and Efficient Analysis of Preprocessing Techniques in Deep Learning for Image Classification. *Current Medical Imaging*.

- [13] Murcia-Gomez, D., Rojas-Valenzuela, I., & Valenzuela, O. (2022). Impact of image preprocessing methods and deep learning models for classifying histopathological breast cancer images. *Applied Sciences*, 12(22), 11375.
- [14] Tang, S., Yuan, S., & Zhu, Y. (2020). Data preprocessing techniques in convolutional neural network based on fault diagnosis towards rotating machinery. *IEEE Access*, 8, 149487-149496.
- [15] Ishwarya, K., Varun, C. S., Saraswathi, S., & Devi, D. (2023, December). COVID 19: Data Augmentation and Image Preprocessing Technique. In 2023 6th International Conference on Recent Trends in Advance Computing (ICRTAC) (pp. 453-463). IEEE.
- [16] Chauhan, Y. (2022, August). Data Augmentation in Image Classification Models. Erişim: 24 Kasım 2024, <https://medium.com/accredian/increase-the-performance-of-image-classification-models-b466e1ae3101>.
- [17] Goceri, E. (2023). Medical image data augmentation: techniques, comparisons and interpretations. *Artificial Intelligence Review*, 56(11), 12561-12605.
- [18] Zhang, H., & Qie, Y. (2023). Applying Deep Learning to Medical Imaging: A Review. *Applied Sciences*, 13(18), 10521.
- [19] Ayana, G., Dese, K., & Choe, S. W. (2021). Transfer learning in breast cancer diagnoses via ultrasound imaging. *Cancers*, 13(4), 738.
- [20] El-Assy, A. M., Amer, H. M., Ibrahim, H. M., & Mohamed, M. A. (2024). A novel CNN architecture for accurate early detection and classification of Alzheimer's disease using MRI data. *Scientific Reports*, 14(1), 3463.
- [21] Oktavian, M. W., Yudistira, N., & Ridok, A. (2022). Classification of Alzheimer's disease using the Convolutional Neural Network (CNN) with transfer learning and weighted loss. *arXiv preprint arXiv:2207.01584*.
- [22] El-Geneedy, M., Moustafa, H. E. D., Khalifa, F., Khater, H., & AbdElhalim, E. (2023). An MRI-based deep learning approach for accurate detection of Alzheimer's disease. *Alexandria Eng J* 63: 211–221.
- [23] Ghaffari, H., Tavakoli, H., & Pirzad Jahromi, G. (2022). Deep transfer learning–based fully automated detection and classification of Alzheimer's disease on brain MRI. *The British journal of radiology*, 95(1136), 20211253.
- [24] Hussain, E., Hasan, M., Hassan, S. Z., Azmi, T. H., Rahman, M. A., & Parvez, M. Z. (2020, November). Deep learning based binary classification for alzheimer's disease detection using brain mri images. In 2020 15th IEEE Conference on Industrial Electronics and Applications (ICIEA) (pp. 1115-1120). IEEE.
- [25] Khan, R., Akbar, S., Mehmood, A., Shahid, F., Munir, K., Ilyas, N., ... & Zheng, Z. (2023). A transfer learning approach for multiclass classification of Alzheimer's disease using MRI images. *Frontiers in Neuroscience*, 16, 1050777.
- [26] Awang, M. K., Rashid, J., Ali, G., Hamid, M., Mahmoud, S. F., Saleh, D. I., & Ahmad, H. I. (2024). Classification of Alzheimer disease using DenseNet-201 based on deep transfer learning technique. *Plos one*, 19(9), e0304995.

SB40

Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Akreditasyonunda Biyoistatistiğin Yeri ve Önemi

Asena Ayça ÖZDEMİR^{1*}, Gülhan TEMEL², İbrahim BAŞHAN¹

¹ Mersin Üniversitesi Tıp Fakültesi Tıp Eğitimi Anabilim Dalı, 33343, Mersin, Türkiye

² Mersin Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik ve Tıbbi Bilişim Anabilim Dalı, 33343, Mersin, Türkiye

* Sorumlu Yazar: a.aycaozdemir@hotmail.com

Amaç: Bu çalışmanın amacı tıp fakültelerinde mezuniyet öncesi tıp eğitimi akreditasyon sürecinde biyoistatistik biliminin önemini hem biyoistatistik ile ilgili dersler hem de bir biyoistatistik uzmanının rolü açısından değerlendirmektir.

Yöntem: Türkiye'de tıp eğitiminin kalitesini değerlendirme ve akreditasyon süreçlerini Tıp Eğitimi Programlarını Değerlendirme ve Akreditasyon Derneği (TEPDAD) yürütmektedir. TEPDAD, tıp fakültelerinin eğitim programlarını ulusal ve uluslararası standartlara göre değerlendirerek akredite eden, bu süreçte kalite güvencesi sağlayan ve tıp eğitiminin niteliğini artırarak sürdürülebilirliğini sağlamada kritik bir rol oynayan bir kurumdur. Ulusal Çekirdek Eğitim Programı (UÇEP) ise Türkiye'deki tıp fakültelerinde tıp eğitiminin standartlarını belirleyen ve mezuniyet öncesi tıp eğitiminde öğrencilerin kazanmaları gereken bilgi, beceri ve tutumları tanımlayan güncel bir programdır. Bu program, tıp fakültelerinin eğitim kalitesini artırmayı ve ulusal ile uluslararası düzeyde uyum sağlamayı amaçlamaktadır. Tıp fakültelerinin eğitim programlarını UÇEP standartlarına uygun olarak düzenlemesi, akreditasyon süreçlerinde de temel bir referans olarak kullanılmaktadır. Bu araştırmada UÇEP 2020 standartları, Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Ulusal Standartları ve Öz Değerlendirme Raporu Hazırlama Kılavuzu ve akredite olan tıp fakültelerine ait son öz değerlendirme raporlarına istinaden hazırlanmış 44 adet TEPDAD sonuç ve öneri raporu incelenmiştir. Bunlara ek olarak akreditasyon sürecinde biyoistatistik uzmanının rolü fakülte içerisinde aldığı idari görevler kapsamında değerlendirilmiştir.

Bulgular: UÇEP 2020 incelendiğinde yetkinlik alanlarının içerisinde, Kanıta Dayalı Tıp (KDT) ilkeleri, sağlık hizmeti, araştırma ve eğitim için bilişim teknolojilerinin kullanımı, bilimsel araştırma yöntemleri, nicel ve nitel araştırma yöntemleri vb. ile ilgili alt yeterlikler olduğu görülmektedir. Akreditasyon için ise TEPDAD tarafından bu yeterliklerle ilgili farklı başlıklar altında kanıt belgeler istenmektedir. TEPDAD'ın akredite programlar için oluşturduğu sonuç ve öneri raporlarında güçlü yönler içerisinde KDT ve biyoistatistik derslerinin olmasına sıklıkla vurgu yapılmış, geliştirilmesi gereken yönlerde ise KDT derslerinin olmaması ya da sadece klinik öncesi dönem içerisinde olması ve ders sayısının artırılması gibi önerilerde bulunulmuştur. Sadece iki tıp fakültesi için hazırlanan raporda benzer herhangi bir öneride bulunulmadığı gözlenmiştir.

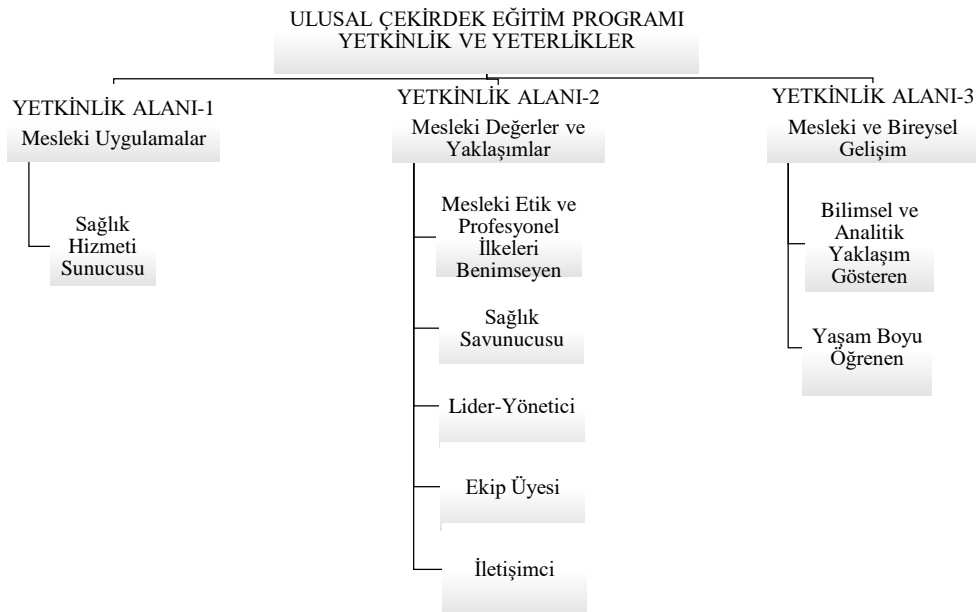
Sonuç ve Tartışma: UÇEP 2020 içerisinde temel tıp bilimleri ile ilgili yetkinlik ve yeterliklere pek yer verilmemiştir. Bu durumun üstesinden gelmek için akreditasyon sürecinde talep edilen dikey entegrasyona da hizmet edecek çalışmaların yapılabileceği vurgusu yapılmıştır. Ancak her ne kadar biyoistatistik bilimi ile ilgili dersler çoğunlukla temel tıp içerisinde yer alsa da TEPDAD akreditasyonu için gerekli koşulların sağlanabilmesi açısından bilimsel araştırma yöntemleri, kanıta dayalı tıp gibi dersler oldukça önem arz etmektedir. Tıp fakültelerinde biyoistatistik ile ilgili derslerin klinik dönemde de yaygınlaştırılması, biyoistatistik uzmanlarının ise özellikle istatistiksel yöntemlerin kullanıldığı belirli raporların oluşturulması aşamasında kurul ve komisyonlarda görev alıyor olması akreditasyon süreçleri aşamasında önemli faktörler olmaktadır.

Anahtar Kelimeler: Biyoistatistik, Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi, Akreditasyon, Ulusal Çekirdek Eğitim Programı

Giriş

Tıp fakültelerinde akreditasyon, eğitim programlarının ulusal ve uluslararası standartlara uygunluğunu değerlendiren ve onaylayan bir süreçtir. Bu süreç, tıp eğitiminde kalite güvencesi sağlamak, standartları yükseltmek ve mezunların bilgi, beceri ve yetkinliklerini ulusal ve uluslararası düzeyde tanınır hale getirmek amacıyla yürütülmektedir. Türkiye'de tıp fakültelerinin akreditasyonu, Tıp Eğitimi Programlarını Değerlendirme ve Akreditasyon Derneği (TEPDAD) tarafından gerçekleştirilir. TEPDAD, Türkiye'deki tıp fakültelerinin eğitim programlarını değerlendirmek, akreditasyon vermek ve kalite güvencesini sağlamak amacıyla 2010 yılında kurulmuş bir dernektir. Yükseköğretim Kalite Kurulu tarafından 2027 ve Dünya Tıp Eğitimi Federasyonu tarafından 2033 yılına kadar onay alan TEPDAD, Türk tıp fakültelerinin akreditasyonunun ulusal ve uluslararası alanda geçerliliğini de sağlamaktadır. Değerlendirme süreçlerinde fakültelerin öz değerlendirme raporlarını ve yerinde yapılan dış incelemeleri esas alan TEPDAD, başarılı fakültele akreditasyon belgesi verir ve düzenli aralıklarla gelişimlerini izlemektedir. Fakülteler, öz değerlendirme ve dış değerlendirme süreçlerinden geçerek eğitim kalitelerini kanıtlamak durumundadır [1, 2].

Ulusal Çekirdek Eğitim Programı (UÇEP) ise, tıp fakültesi öğrencilerinin altı yıllık eğitimleri boyunca edinmeleri gereken temel bilgi, beceri ve tutumları belirleyen bir programdır. Program, tıp eğitiminin asgari standartlarını tanımlayarak, mezunların gerekli mesleki donanımı kazanmalarını hedeflemektedir. UÇEP ilk olarak 2000'lerin başında hazırlanmıştır. 1980'lerden itibaren Türkiye'de tıp fakültesi sayısındaki artış, farklı altyapılara sahip fakültelerde çeşitli eğitim programlarının uygulanmasına yol açmıştır. Bu durum, temel bilgi ve becerilere sahip hekimler yetiştirmek amacıyla çerçeve bir program oluşturma gerekliliğini doğurmuştur. 2012 yılında Tıp Dekanları Konseyi'nin girişimiyle UÇEP-2014 hazırlanmış, programın sürekli geliştirilmesi gerektiği vurgulanmıştır. Her 6 yılda bir güncellenmesi planlanan UÇEP'te son olarak 2020 yılında değişen ihtiyaçlara uyum sağlamak amacıyla, mezun yeterlilikleri, davranışsal, sosyal ve beşerî bilimler gibi alanlara daha fazla ağırlık verilmiştir.



Şekil 1. UÇEP Yetkinlik Alanları ve İlgili Yetkinlikler

UÇEP 2020 üç bileşenden oluşmaktadır. Birinci bölümde; Tıp Fakültesi Mezunlarının Ulusal Yetkinlik ve Yeterlikler Belgesi (UYB) yer almaktadır. UYB, Şekil 1’de de görüldüğü gibi üç temel yetkinlik alanı içerisinde 8 adet yetkinlik bulundurmaktadır. Bu yetkinliklerin altında ise 32 adet yeterlik yer almaktadır. UÇEP’in bu alanda fakültelerden beklentisi her dönem (1-6. sınıf) için fakültede içerisinde yer alan teorik dersler, pratik dersler, proje, ödev ve farklı eğitim etkinliklerine ait amaç ve hedeflerin yeterliklerle ilişkilendirilmesidir.

İkinci bölümde UÇEP 2020-Güncelleme ve İçerik Çalışma Listeleri bulunmaktadır. Bu bölümde bulunan Klinik Semptom/Bulgu/Durum Listesi içerisinde hekimin klinik ortamlarda (poliklinik, acil vb.) ve diğer ortamlarda (okul, işyeri, yerleşim merkezi vb.) karşı karşıya olduğu ve belirli düzeylerde yönetmesi gereken ilk karşılaşma durumları yer almaktadır. İkinci olarak ise Çekirdek Hastalıklar, Klinik Problemler Listesi bulunmaktadır. Bu alanda ise hekimin, kendisine başvuran hastanın semptomlarını ve karşı karşıya olduğu durumları değerlendirdikten sonra tanısını/öntanısını koyduğu klinik problemler yer almaktadır. Toplamda 342 çekirdek hastalıkların her biri için klinik semptom, bulgu ve durumları ile birlikte öğrenme düzeyi ve organ sistemleri belirtilmiştir. Bölümün son basamağında ise Temel Hekimlik Uygulamaları yer almaktadır. Burada, tıp fakültesinden mezun olan hekimin, temel hekimlik uygulamalarını hangi düzeyde öğreneceği yer almaktadır.

Üçüncü bölümde ise Davranışsal, Sosyal ve Beşerî Bilimler alanı bulunmaktadır. Bu alan içerisinde ise davranışsal, sosyokültürel ve çevresel durumlara ve bu durumları bütüncül bir anlayışla etkin bir şekilde yönetilebilmesi için sahip olunması gereken yeterliklere ilişkin bilgiler yer almaktadır [3].

Biyoistatistik, tıp eğitiminin temel bileşenlerinden biri olarak hem bilimsel bilgi üretiminde hem de sağlık hizmetlerinde karar alma süreçlerinde önemli bir role sahiptir. UÇEP kapsamında, biyoistatistik eğitimi, tıp fakültesi öğrencilerinin bilimsel araştırmaları anlaması, eleştirel değerlendirme yapabilmesi ve kanıta dayalı tıp yaklaşımını benimsemesi için vazgeçilmez bir alan olarak öne çıkmaktadır. Bu beceriler, öğrencilerin mezuniyet sonrasında kanıta dayalı karar verme ve sağlık sorunlarına bilimsel çözümler geliştirme yetkinliklerini güçlendirmektedir. Öte yandan, TEPDAD açısından biyoistatistik, eğitim programlarının değerlendirilmesi, akreditasyon süreçlerinin yürütülmesi ve programların etkinliğinin kanıtlanması için gerekli bilimsel temeli oluşturmaktadır. TEPDAD’ın kalite güvencesi süreçlerinde kullanılan ölçütlerin doğruluğu ve güvenilirliği, biyoistatistiksel analizlere dayanmaktadır. Dolayısıyla, biyoistatistik hem tıp eğitiminin etkinliğini artırmada hem de kalite güvencesinde kilit bir unsur olarak dikkat çekmektedir.

TEPDAD, tıp fakültelerinin akreditasyonunda kendi belirledikleri kriterlerin yanı sıra fakültelerin UÇEP ile uyumlu olmasını da beklemektedir. Bu sebeple bu çalışmada mezuniyet öncesi tıp eğitimi akreditasyon sürecinde UÇEP ve TEPDAD’ı birlikte değerlendirilerek biyoistatistiğin önemini hem fakültelerde verilen dersler hem de biyoistatistiğin katkıları açısından incelenmesi amaçlanmıştır.

Yöntem

Çalışmada UÇEP 2020, Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Ulusal Standartları (2021), Öz Değerlendirme Raporu Hazırlama Kılavuzu (2022) ve akredite eğitim programlarına dair erişim sağlanabilen toplam 44 adet sonuç ve öneri raporu biyoistatistikle ilgili içerikler açısından incelenmiştir [3, 4, 5, 6].

Bulgular

Ulusal Çekirdek Eğitim Programı'nın Biyoistatistiksel Açıdan İncelenmesi

Bu bölümde UÇEP 2020'de yer alan biyoistatistik ile bölümler incelenmiş olup aşağıdaki durumlar gözlenmiştir.

UYYB içerisinde yer alan “Mesleki Değerler ve Yaklaşımlar” yetkinlik alanında bulunan “Mesleki Etik ve Profesyonel İlkeleri Benimseyen” yetkinliği altında “Mesleğini yürütürken iyi hekimlik uygulamalarını dikkate alır.” yeterliği yer almaktadır. Ayrıca, “Mesleki ve Bireysel Gelişim” yetkinlik alanında bulunan “Bilimsel ve analitik Yaklaşım Gösteren” yetkinliği altında “Mesleği ile ilgili güncel literatür bilgisine ulaşır ve eleştirel değerlendirir.”, “Klinik karar verme sürecinde, kanıta dayalı tıp ilkelerini uygular.” ve “Sağlık hizmeti, araştırması ve eğitimine yönelik çalışmalarının etkinliğini artırmak için bilişim teknolojilerini kullanır.” ifadeleri yer almaktadır.

Temel Hekimlik Uygulamaları'nda öğrenme düzeyi 1, “Uygulamanın nasıl yapıldığını bilir ve sonuçlarını hasta ve/ veya yakınlarına açıklar”; öğrenme düzeyi 2, “Acil bir durumda kılavuz/yönergeye uygun biçimde uygulamayı yapar”; öğrenme düzeyi 3, “Karmaşık olmayan, sık görülen, durumlarda/olgularda uygulamayı* yapar” ve öğrenme düzeyi 4, “Karmaşık durumlar/olgular da dahil uygulamayı yapar” olarak belirlenmiştir. Buradaki uygulamadan kasıt “*Ön değerlendirmeyi/değerlendirmeyi yapar, gerekli planları oluşturur, uygular ve süreç ve sonuçlarıyla ilgili hasta ve yakınlarını/toplumu bilgilendirir” şeklindedir.

Temel Hekimlik Uygulamaları içerisinde yer alan “G. Bilimsel araştırma ilke ve uygulamaları” başlığı altında aşağıdaki durumlar öğrenme düzeyleri ile birlikte Tablo 1’de verilmiştir.

Tablo 1. Bilimsel Araştırma İlke ve Uygulamaları

Alt maddeler	Öğrenme Düzeyi
1.Bilimsel verileri derleyebilme, tablo ve grafiklerle özetleyebilme	3
2.Bilimsel verileri uygun yöntemlerle analiz edebilme ve sonuçları yorumlayabilme	2
3. Bir araştırmayı bilimsel ilke ve yöntemleri kullanarak planlayabilme	2
4.Güncel literatür bilgisine ulaşabilme ve eleştirel gözle okuyabilme	3
5.Klinik karar verme sürecinde, kanıta dayalı tıp ilkelerini uygulayabilme	3
6.Sağlık düzeyi göstergelerini kullanarak hizmet bölgesinin sağlık düzeyini yorumlayabilme	3

Bu madde altındaki alt maddeler Biyoistatistik Derneği üyelerince görüşülmüş ve tablodaki haliyle UÇEP komisyonuna sunulmuş olup, olduğu hali ile komisyon tarafından kabul edilmiştir.

Davranışsal, Sosyal ve Beşerî Bilimler Durumlar Listesi içerisinde ise “Bilimsel araştırma yöntemleri ve etiği” ana durumu altında ise biyoistatistikle ilgili olarak “a. Bilimsel paradigma ve paradigma dönüşümü”, “b. Kanıta dayalı tıp uygulamaları”, “c. Araştırmacıların toplumsal hesap verebilirliği”, “d. Nicel ve nitel araştırma yöntemleri” ve “e. Araştırma etiği, ihlalleri ve yasal boyutu” alt durumları yer almaktadır [3].

Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Ulusal Standartları ve Öz Değerlendirme Raporu Hazırlama Kılavuzu'nun Biyoistatistiksel Açıdan İncelenmesi

Bu bölümde Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Ulusal Standartları ve Öz Değerlendirme Raporu Hazırlama Kılavuzu'nda yer alan biyoistatistik ile bölümler incelenmiş olup aşağıdaki durumlar gözlenmiştir.

Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Ulusal Standartları dokuz ana başlıktan oluşmaktadır. Bir fakültenin akredite olabilmesi için bu başlıklar altında yer alan temel standartların kesin karşılanması beklenmekte olup, gelişim standartlarının yer alması pozitif etki barındırmaktadır.

Hazırlama klavuzunun Eğitim Programının Yapısı bölümüne ait açıklama bölümünde “Öğrenciler eğitim gereksinimleri konusunda öz değerlendirme yapabilme, uygun bilgiye ulaşma, tanımlama, analiz ve sentez yapabilme konusunda kendilerini geliştirebilmelidir.” ifadesi yer almakla birlikte, bir fakültenin eğitim programı “TS.2.1.3. Yatay ve dikey entegrasyonu sağlamış” temel standardını sağlamış, gelişim standardı olarak ise “GS.2.1.1. Eğitim programının entegrasyonuna davranış ve insan bilimleri ile sosyal bilimleri dahil etmiş” olması gerekmektedir. Eğitim Programının İçeriği bölümünün açıklamasında ise “Öğrencilerin bilimsel düşünme ve araştırma yöntemleri konusunda bilgi edinmeleri için eğitimin farklı evrelerinde araştırma yöntemleri, biyoistatistik, epidemiyoloji gibi konuları sunular, paneller, uygulamalar yoluyla sistematik öğrenme fırsatı yaratılmalıdır. Analiz, sentez, değerlendirme, problem çözme, eleştirel düşünme ve karar vermeye yönelik becerileri geliştirecek etkinlikler tasarlanmalıdır.” ifadesi yer almakla birlikte, eğitim programı içeriği mutlaka; “TS.2.2.4. Bilimsel ilke ve yöntemleri kullanarak analitik, eleştirel düşünme ve değerlendirme, problem çözme, karar verme gibi becerileri geliştirecek öğrenme fırsatları sağlamış” ve “TS.2.2.5. Öğrencilerin bilimsel araştırmalara katılımını destekleyecek ve araştırma yapma deneyimi kazandıracak öğrenme fırsatları sunmuş” temel standartları ile “GS.2.2.1. Kanıta dayalı tıp uygulamalarına yer vermiş” gelişim standardı bulunmaktadır. Bu bölümün ek belge ve kanıtlarında ise kanıta dayalı tıp (KDT) uygulamalarına ve sağlıkta bilişim teknolojilerinin kullanımı ile ilgili eğitim etkinliklerine dair belgeler istenmektedir [4, 5].

Akredite Olan Tıp Fakültelerine Ait Değerlendirme Raporlarının Biyoistatistiksel Açıdan İncelenmesi

Bu bölümde akredite olan tıp fakültelerine ait değerlendirme raporlarında yer alan biyoistatistik ile bölümler incelenmiş olup aşağıdaki durumlar gözlenmiştir.

Akredite eğitim programları bölümünde 55 adet fakülteye ait değerlendirme yer almaktadır. Bunların içerisinden erişilebilir olan 44 değerlendirme raporu incelendiğinde fakültelerin güçlü yönleri içerisinde bilimsel ilke ve yöntemlerle birlikte istatistik, biyoistatistik ve KDT derslerin bulunması ve bu derslerin dikey entegrasyonu sağlayacak şekilde dizayn edilmiş olmasına sıklıkla vurgu yapılmıştır. Geliştirilmesi gereken yönlerde ise KDT derslerinin olmaması ya da sadece klinik öncesi dönem içerisinde olması ve ders sayısının artırılması gibi önerilerde bulunulmuştur. 44 rapor içerisinden sadece 2 fakülte için hazırlanan raporda bu konulara hiç değinilmemiş ve herhangi bir öneride bulunulmadığı gözlenmiştir [6].

Akreditasyon Sürecinde Biyoistatistik Uzmanının Rolü

Fakültelerde biyoistatistik uzmanları genellikle idari görevlerde, kurul ve komisyonlarda aktif olarak görev almaktadırlar. Akreditasyon sürecinde biyoistatistikçiler, eğitim programlarının etkinliğini değerlendirme, kalite güvencesini sağlama süreçlerinde önemli roller üstlenirler. Bu süreçte, temel biyoistatistik, bilimsel araştırma yöntemleri, veri analizi ve deneysel desenler gibi dersler vererek öğrencilerin bilimsel düşünme, veri okuryazarlığı ve kanıta dayalı karar verme becerileri kazanmalarına katkıda bulunmaktadır. Akreditasyon kapsamında, Program Değerlendirme Raporu'nda da sıklıkla kullanılan eğitim programlarının hedeflerine ulaşma düzeyini ölçmek için öğrenci, öğretim üyesi ve mezunlardan toplanan verilerin geçerli ve güvenilir bir şekilde planlama ve analiz edilmesinde aktif rol almaktadırlar. Öğrencilerin akademik performansı ve mezunların yeterliklerinin değerlendirilmesinde kullanılan anketler, testler ve diğer ölçme araçlarının istatistiksel analizini gerçekleştirirken, tanımlayıcı

ve çıkarımsal istatistiksel yöntemleri kullanarak eğitim çıktılarını analiz ve bu analizlerle programların kalite ölçütlerine uygunluğunu bilimsel olarak ortaya koyulmasında yardımcı olurlar. Verilerden elde edilen sonuçlar, eğitim programlarının güçlü ve zayıf yönlerini belirlemek, iyileştirme gerektiren alanları tespit etmek ve programın sürekli geliştirilmesine yönelik önerilerde bulunmak için kullanılmaktadır. Ayrıca, akredite olan tıp fakültelerine ait sonuç raporlarında yer alan fakültenin güçlü yönlerinde de belirtildiği gibi Biyoistatistik Anabilim Dalları'nın Sürekli Mesleki Gelişim ve Yaşam Boyu Öğrenme etkinliklerine oldukça önemli katkıları bulunmaktadır.

Sonuç ve Tartışma

Bu çalışmada, biyoistatistik biliminin mezuniyet öncesi tıp eğitimi ve akreditasyon süreçlerindeki önemi, UÇEP ve TEPDAD standartları çerçevesinde değerlendirilmiştir. Bulgular, biyoistatistik biliminin tıp eğitiminin hem teorik hem de uygulamalı boyutlarında merkezi bir role sahip olduğunu ortaya koymaktadır. UÇEP-2020'nin, tıp fakültesi öğrencilerinin bilimsel düşünme, eleştirel değerlendirme ve kanıta dayalı karar verme becerilerini geliştirmeyi hedeflemesi, biyoistatistiğin bu kapsamda vazgeçilmez bir eğitim bileşeni olduğunu vurgulamaktadır. Özellikle Temel Hekimlik Uygulamaları'nda biyoistatistiksel becerilere ve bilimsel araştırma yöntemlerine ilişkin yeterliklerin öğrenme düzeyleriyle tanımlanması, biyoistatistiğin müfredattaki yerinin sistematik bir şekilde belirlenmiş olduğunu göstermektedir [3].

UÇEP 2020 içerisinde temel tıp bilimleri ile ilgili yetkinlik ve yeterliklere pek yer verilmemesinden dolayı, temel bilimler ile klinik birimler arasında dikey entegrasyonun sağlanarak bu durumun üstesinden gelinebileceği vurgusunda bulunmuştur [3]. Her ne kadar biyoistatistik bilimi ile ilgili dersler çoğunlukla temel tıp içerisinde yer alsa da bilimsel araştırma yöntemleri, kanıta dayalı tıp gibi dersler akreditasyon süreçlerinde oldukça önem arz etmekte olup bu derslerin klinik döneme entegrasyonu ile akreditasyonda fakültenin güçlü yönleri öne çıkarılabilmektedir [4, 5, 6]. TEPDAD tarafından akredite edilmiş mezuniyet öncesi tıp eğitimi programlarına ait değerlendirme raporları sonucunda, biyoistatistik derslerinin entegrasyonunun ve kapsamının, fakültelerin güçlü yönleri arasında sıklıkla yer aldığını ortaya koymuştur. Bununla birlikte, raporlarda, kanıta dayalı tıp ve biyoistatistik derslerinin yetersiz olduğu veya yalnızca klinik öncesi döneme sınırlı kaldığı durumlarda geliştirme önerilerinin sıklıkla yer alması, bu alandaki eksikliklerin giderilmesi gerektiğini göstermektedir [6]. Bu bulgular, biyoistatistik biliminin tıp eğitimindeki kalite güvencesi ve standartların sağlanmasında kilit bir unsur olduğunu doğrulamaktadır.

Biyoistatistik uzmanlarının akreditasyon süreçlerindeki rolü de dikkate değerdir. Uzmanlar, eğitim programlarının etkinliğinin değerlendirilmesinde, kalite güvencesinin sağlanmasında ve kanıta dayalı karar alma süreçlerinin desteklenmesinde bilimsel katkılar sunmaktadır. Özellikle akreditasyon raporlarında, eğitim programlarının hedeflerine ulaşma düzeyini ölçmek için kullanılan verilerin analizi ve yorumlanması, biyoistatistikçilerin uzmanlık alanına girmekle birlikte geçerli ve güvenilir sonuçlar elde etme konusunda da daha doğru yöntemler uygulamaktadırlar. Ayrıca, biyoistatistik uzmanlarının, bilimsel araştırma yöntemleri, veri analizi ve deneysel desenler gibi derslerle öğrencilerin bilimsel düşünme, veri okuryazarlığı ve kanıta dayalı tıp becerilerini geliştirmeye yönelik katkıları, tıp eğitiminin kalite standartlarını yükseltmektedir. Biyoistatistik uzmanlarının, bu görevlerin tümünde sürecin bilimsel temele dayanmasını sağlayarak akreditasyonun objektifliğini ve şeffaflığını artırırken, eğitim programlarının kalitesinin sürekli iyileştirilmesine katkıda bulunmaktadır. Bunlara ek olarak gelişen teknoloji ve bilişim alanında Sürekli Mesleki Gelişim ve Yaşam Boyu Öğrenme alanlarında da etkinlikler düzenlemesi fakülte bireyleri için pozitif katkı sağlamaktadır.

Biyoistatistik bilimi, tıp eğitiminin yapılandırılmasında ve akreditasyon süreçlerinin bilimsel bir temele dayandırılmasında kritik bir öneme sahiptir. UÇEP'in bu bilim alanına ilişkin yeterlikleri açık bir şekilde

tanımlaması ve TEPDAD'ın değerlendirme kriterlerinde biyoistatistik eğitime vurgu yapması, bu alanın tıp eğitimindeki vazgeçilmez rolünü doğrulamaktadır. Gelecekte, biyoistatistik derslerinin dikey entegrasyonunun güçlendirilmesi, biyoistatistik uzmanlarının eğitim ve değerlendirme süreçlerine daha aktif katılımının teşvik edilmesi, tıp eğitiminin ulusal ve uluslararası standartlara uygunluğunu daha da artıracaktır. Bu bağlamda, biyoistatistik biliminin hem tıp eğitiminin geliştirilmesindeki hem de akreditasyon süreçlerinin yürütülmesindeki önemi göz önünde bulundurularak, müfredat içeriklerinin ve eğitim yaklaşımlarının daha kapsamlı bir şekilde ele alınması önerilmektedir.

Kaynaklar

- [1] <https://tepdad.org.tr/> (Son Erişim Tarihi: 26.09.2024)
- [2] <https://tepdad.org.tr/tescil-taninma/> (Son Erişim Tarihi: 26.09.2024)
- [3] Ulusal Çekirdek Eğitim Programı 2020
- [4] Tıp Eğitimi Programlarını Değerlendirme ve Akreditasyon Derneği Mezuniyet Öncesi Tıp Eğitimi Ulusal Standartları (2021)
- [5] Tıp Eğitimi Programlarını Değerlendirme ve Akreditasyon Derneği Öz Değerlendirme Raporu Hazırlama Kılavuzu (2022)
- [6] <https://tepdad.org.tr/akredite-egitim-programlarinin-guncel-listesi/> (Son Erişim Tarihi: 26.09.2024)

SB41

**Makine Öğrenmesi Algoritmaları ile Bağırsak Mikrobiyotası Kompozisyonu Araştırmalarının
Bibliyometrik Analizi**

Zeliha AYDIN KASAP^{1*}, Bünyamin KASAP²

¹ Karadeniz Teknik Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, Trabzon.

² SBÜ, Kanuni Eğitim ve Arş. Hastanesi, Tıbbi Mikrobiyoloji Laboratuvarı, Trabzon.

* zelihaaydin86@gmail.com

Amaç: Bu çalışma, 2019-2024 yılları arasında yayınlanan bağırsak mikrobiyotası kompozisyonu araştırmalarında geliştirilen makine öğrenmesi algoritmalarını incelemek ve alana yön veren konu başlıkları ile trendleri belirlemek amacıyla gerçekleştirilmiştir

Yöntem: Çalışma, mikrobiyota araştırmalarında mevcut durum, anahtar temalar, yazarlar, dergiler, trendler ve işbirliklerinin kapsamlı bir analizini sunmaktadır. Veri seti, 2019-2024 yılları arasında yapılmış olan ve Web of Science Core Collection'dan sorgu operatörleri ile elde edilen toplam 5.802 yayını içermektedir. Yayın dili İngilizce ve insan mikrobiyotası dışında yapılan yayınlar çalışmadan çıkarılmıştır. Uluslararası işbirliklerinin haritalanması, kelime bulutları ve bağlantılar için görsel analizler VOSviewer (version 1.6.14 Center for Science and Technology Studies, Leiden University, The Netherlands) programı ortamında gerçekleştirilmiştir. Haritalama tekniklerinden anahtar kelime birlikteliği (term co-occurrence), kümeleme ve densite haritalama, bağlantı eşit değerleri göz önüne alınarak kullanılmıştır. Trendlerin anlamlılık düzeyinin belirlenmesinde lineer regresyon analizi yapılmıştır.

Bulgular: Son beş yılda, mikrobiyota alanında yapılan çalışmalarda, ülke/bölge ve kurum dağılımları incelendiğinde, en üretken ülkeler Çin ve Amerika Birleşik Devletleri olup, en üretken kurumlar arasında Shanghai Üniversitesi ve San Diego Üniversitesi bulunmaktadır. Çalışmada anahtar kelimelerin ortaya çıkışı ve atıf patlamaları incelendiğinde; "Gut microbiota", "microbiome", "intestinal microbiota", "metagenomics" ve "artificial intelligence" yüksek frekanslı anahtar kelimeler arasındadır. Dergilerinin analizi incelendiğinde, en fazla yayının "Frontiers in Microbiology", "Scientific Reports" ve "Microbiome" dergilerinde yayınlandığı, en fazla atfın ise "Nature" ve "Plos one" dergilerine olduğu görülmüştür. Yıl bazında yayın trendini incelemek için yapılan lineer regresyon analizinde yıllar içerisinde yayın sayısında bir artış olduğunu görülmüş ($\beta = 46.7$) fakat bu artış istatistiksel olarak anlamlı çıkmamıştır ($p = 0.433$).

Tartışma ve Sonuç: Son beş yılda, mikrobiyota üzerine yapılan çalışmalar hızla artmış ve makine öğrenmesi algoritmaları kullanılarak araştırmacıların dikkatini çeken kritik konular derinlik kazanmıştır. Çin ve ABD bu araştırma alanında başı çeken ülkelerdir. Analiz sonuçları, mikrobiyota araştırma odakları ve bu alandaki boşluklar ile ilgili değerli bilgiler sunarak, mikrobiyota alanındaki araştırmaların gelişim eğilimleri hakkında kıymetli referanslar sağlamaktadır. Makine öğrenmesi algoritmalarının mikrobiyota çalışmalarında kullanımının giderek önem kazanacağı öngörülmektedir. Bu çalışmanın ülkemizin Dünya sıralamasındaki yerinin iyileştirilmesine ışık tutacağı düşünülmektedir.

Anahtar Kelimeler: Bibliyometrik analiz, Mikrobiyota, Mikrobiyom, Makine öğrenmesi

SB41

Bibliometric Analysis of Research on Gut Microbiota Composition with Machine Learning Algorithms

Zeliha AYDIN KASAP^{1*}, Bünyamin KASAP²

¹ Karadeniz Technical University, Faculty of Medicine, Department of Biostatistics and Medical Informatics, Trabzon, Turkey.

² Kanuni Training and Research Hospital, Medical Microbiology Laboratory, Trabzon, Turkey.

* zelihaaydin86@gmail.com

Aim: This study aims to examine the machine learning algorithms developed in research on gut microbiota composition published between 2019 and 2024 and to identify the key topics and trends shaping the field.

Methods: The study provides a comprehensive analysis of the current state, key themes, authors, journals, trends, and collaborations in microbiota research. The dataset includes a total of 5.802 publications retrieved using query operators from the Web of Science Core Collection for the years 2019–2024. Publications in English and focused on human microbiota were included, while studies unrelated to human microbiota were excluded. Visual analyses for mapping international collaborations, word clouds, and connections were performed using VOSviewer (version 1.6.14, Center for Science and Technology Studies, Leiden University, The Netherlands). Mapping techniques such as keyword co-occurrence, clustering, and density mapping were employed considering connection equivalence values. Linear regression analysis was conducted to determine the significance of trends.

Results: Over the last five years, China and the United States have been the most productive countries in microbiota research, with Shanghai University and the University of San Diego identified as the leading institutions. Key keywords emerging in studies, along with citation bursts, include "Gut microbiota," "microbiome," "intestinal microbiota," "metagenomics," and "artificial intelligence." The journal analysis revealed that most publications were in "Frontiers in Microbiology," "Scientific Reports," and "Microbiome," while the highest citations were from "Nature" and "PLOS ONE." Linear regression analysis examining the yearly publication trends showed an increase in publication counts over time ($\beta = 46.7$), but this increase was not statistically significant ($p = 0.433$).

Discussion and Conclusion: Over the past five years, microbiota research has experienced rapid growth, with machine learning algorithms emerging as a key focus, attracting significant attention from researchers. China and the United States have established themselves as leaders in this field. The analysis offers valuable insights into the primary research areas and existing gaps, serving as a critical reference for understanding development trends in microbiota studies. The findings highlight the increasing importance of integrating machine learning algorithms into microbiota research, with their influence expected to expand further. This study also underscores the potential to enhance our country's global standing in this area through strategic advancements and contributions.

Keywords: Bibliometric analysis, Microbiota, Microbiome, Machine learning.

1. GİRİŞ

Bağırsak Mikrobiyotası Kompozisyonu, bağırsakta yaşayan milyonlarca mikroorganizmanın (bakteriler, virüsler, mantarlar ve diğer mikroorganizmalar) çeşitliliğini ve dengesini ifade eder. Bu mikroorganizmalar, vücudumuzun içerisinde mikrobiyota ekosistemini oluşturur ve sindirim, sindirilen besinlerin emilimi, bağışıklık sisteminin düzenlenmesi, otoimmün hastalıkların etyopatogenezi, diyabet, obezite gibi metabolik hastalıkların tetiklenmesi süreçlerinde ve beyin-bağırsak ekseninde ilişkisinde önemli rol oynar [1].

Yapay zeka ve makine öğrenmesi algoritmaları, yüksek hacimli mikrobiyota verilerinin dinamiklerini daha hızlı ve etkili bir şekilde modelleyebilmektedir. Ayrıca kişiselleştirilmiş tıp yaklaşımları ile mikrobiyota verileri entegre edilerek, bireylere özel tedavi protokolleri geliştirilebilmektedir [2]. Son yıllarda makine öğrenmesi algoritmaları ile mikrobiyota araştırmalarında, bireylerin mikrobiyotadaki değişimlerden kaynaklanan hastalık risklerini ve ilgili hastalıkların seyrini tahmin etmek üzere başarılı modeller geliştirilmiştir [3]. Bu çalışmalar insan iş yükünü azaltmakta ve erken teşhis imkanı sunarak tedavi sürecine önemli katkılar sunmaktadır [4-5].

Bibliyometri, bilimsel yayınların nicel analizi ve istatistiksel değerlendirmesidir. Bu yöntem, bir bilim alanının büyümesini, olgunluğunu, önde gelen yazarlarını, eğilimlerini, kavramsal ve entelektüel haritalarını değerlendirmek için kullanılmaktadır [6]. Ayrıca araştırma performansını değerlendirmek; belgeler, yazarlar ve referanslar arasında bağlantı kurmak için de kullanılmaktadır [7]. Bibliyometrik analiz R, Python, Vosviewer vb. birçok yazılım ve program paketleri ile yapılabilmektedir [8]. Bu yöntemlerden biri olan “Biblioshiny” bir web arayüzü olarak yaygın şekilde kullanılmaktadır. Biblioshiny SCOPUS, Web of Science, PubMed, Digital Science Dimensions ve Cochrane veri tabanlarından bibliyografik verileri aktarabilmektedir. Kaynaklar, yazarlar ve belgeler, kavramsal yapı, sosyal yapı ve entelektüel yapı hakkında çeşitli görselleştirme ve analizler sunmaktadır [9]. VOSviewer programı da özellikle büyük bibliyometrik haritaların kolay bir şekilde görüntülenmesi için oldukça kullanışlıdır. Bu çalışmada, bibliyometrik analizler VOSviewer (version 1.6.14 Center for Science and Technology Studies, Leiden University, The Netherlands) programı ortamında gerçekleştirilmiştir. Bibliyometrik analiz, özellikle hızlı gelişmekte olan çalışma konularının takip edilmesini kolaylaştırdığından son derece faydalı bir yöntem olarak kullanılmaktadır. Bu bağlamda, tıp alanında yapay zekâ kullanılarak yapılan klinik çalışmaların bibliyometrik analizle ele alınması konu ile ilgili yapılması planlanan çalışmalara yol göstermek, yapılan çalışmaların nasıl ve ne yönde ilerlediklerini göstermek ve henüz çalışma yürütülmemiş alanların ortaya konması açısından önemlidir.

Bu çalışmada, makine öğrenmesi algoritmaları ile bağırsak mikrobiyota kompozisyonu konusunda yayınlanmış olan makalelerin, yayımlandıkları dergilere, yayımlandıkları yıllara, konu alanlarına, yapıldıkları ülkelere, çalışmalara yapılan atıf sayılarına dair veriler incelenmiştir. Konu ile ilgili yeni planlanacak çalışmalara ışık tutulması amaçlanmıştır.

2. GEREÇ VE YÖNTEM

2.1. Veri Seti

Makine öğrenmesi algoritmaları ile mikrobiyota konusunda alanyazındaki makalelerin çeşitli değişkenler açısından incelenmesinin amaçlandığı bu çalışma, nitel araştırma modeline göre yürütülmüş olan bir durum çalışması örneğidir. Bu araştırmanın evreni, 2019-2024 yılları arasında, WOS (Web of Science) veri tabanında yer alan makine öğrenmesi algoritmaları ve mikrobiyota konusundaki yayınlardan oluşmaktadır. Araştırmanın örneklemi ise veri tabanlarında yayınlanmış olan toplam 5.802 makaleden oluşmaktadır.

Çalışmaya “article”, “ review article” türünde ve SCI expanded indeksinde yayınlanan çalışmalar dahil edilmiştir. İngilizce dili dışında yayınlanan çalışmalar, bildiri ve kitap bölümleri ile insan mikrobiyotası üzerine yapılmayan çalışmalar bu çalışmanın dışında bırakılmıştır.

Veri tabanında arama yapılırken kullanılan sorgu operatörü TS=(("*machine learning*" OR "ML" OR "artificial intelligence" OR "metagenomics") AND ("gut microbiota" OR "microbiota")) şeklindedir (Query link :<https://www.webofscience.com/wos/woscc/summary/a3562a75-09b0-40ba-b67f-c72dc25fd01b-010c6f5fcd/relevance/1>)

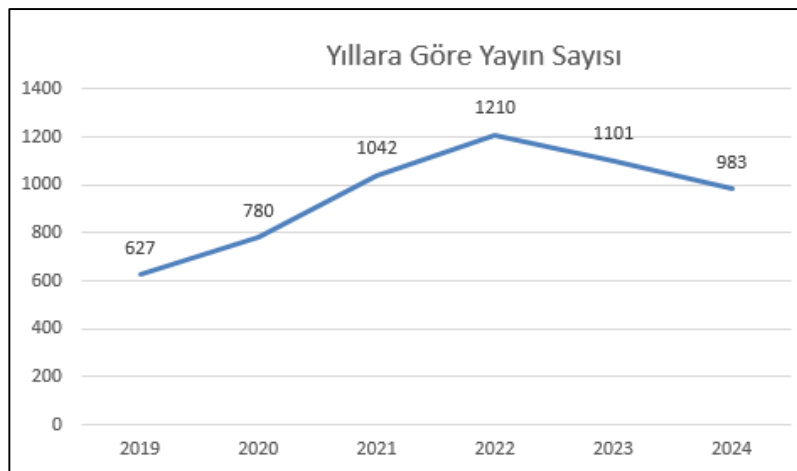
2.2. Bibliyometrik analiz ve haritalama

Bibliyometrik analiz, bilimsel ölçüm göstergelerine dayanır. Bilimsel bilginin haritalanması ve analizi, belirli bir çalışma alanının dinamiklerinin belirlenmesine ve çeşitli araştırma kurumlarıyla ilgili stratejik kararların desteklenmesine olanak tanır. Bibliyometrik analiz R, Python, VOSviewer vb. birçok yazılım ve program paketleri ile yapılabilmektedir [7-9]. Bu çalışmada, bibliyometrik analizler VOSviewer (version 1.6.14 Center for Science and Technology Studies, Leiden University, The Netherlands) programı ortamında gerçekleştirilmiştir.

VOSviewer özellikle büyük bibliyometrik haritaların kolay bir şekilde görüntülenmesi için oldukça kullanışlıdır [10]. VOSviewer yoğunluk görselleştirmesinde kullanılan renkler, ağdaki düğümlerin yoğunluğunu ve önemini belirlemek için kritik bir rol oynar. Kırmızı ve sıcak tonlar, bir anahtar kelimenin çevresinde daha fazla bağlantı olduğunu ve bu kelimenin haritanın daha merkezi bir ögesi olduğunu gösterir. Bu, o bölgedeki makalelerin daha sıkı şekilde ilişkili olduğunu da ifade eder. Mavi ve soğuk tonlar ise düşük yoğunluğu ve daha az bağlantıyı simgeler, bu da o anahtar kelimenin daha az merkezi bir rol oynadığını işaret eder. Renk geçişi, haritanın belirli alanlarının ne kadar önemli veya yaygın olduğunu anlamak için kullanılır. Soğuk renklerden sıcak renklere doğru geçiş, konuların çalışılma sıklığını ve bağlantılılığını görselleştirir [10]. Ağ haritaları görsellerinde noktalar anahtar kelimeleri göstermektedir. Noktaların büyüklüğü arttıkça ilgili anahtar kelimenin daha sık kullanıldığı anlamına gelmektedir. Kümeler farklı renkler kullanılarak etiketlenmiştir ve bağlantılar anahtar kelimelerin bir arada bulunmasını temsil etmektedir.

3. BULGULAR

Yapılan çalışmada, 2019-2024 yılları arasındaki WOS'dan sorgu operatörleri ile elde edilen toplam 5.743 yayını elde edilmiştir. Mikrobiyota ve makine öğrenmesi çalışmalarının yıllara göre dağılımı Şekil 1'de sunulmuştur.



Şekil 1. Mikrobiyota ve makine öğrenmesi çalışmalarının yıllara göre dağılımı

Alanda en fazla yayının 2022 yılında yayınlandığı görülmektedir. Yıl bazında yayın trendini incelemek için yapılan lineer regresyon analizinde yıllar içerisinde yayın sayısında bir artış olduğunu görülmüş ($\beta=46.7$) fakat bu artış istatistiksel olarak anlamlı çıkmamıştır ($p = 0.4329$).

Yine bu alanda çalışan ülkeler incelendiğinde ise en çok yayın yapan ilk 10 ülke Tablo 1’de sunulmuştur.

Tablo 1. En çok yayın yapan ilk 10 ülke

Ülke	Yayın Sayısı	%
ÇİN	1960	23.41
ABD	1123	13.41
İTALYA	385	4.60
İSPANYA	333	3.98
FRANSA	263	3.14
ALMANYA	252	3.01
BREZİLYA	245	2.93
İNGİLTERE	243	2.90
HİNDİSTAN	235	2.81
GÜNEY KORE	210	2.51

Tablo 1’e bakıldığında, Çin 1960 yayın ve %23.41 yayın yüzdesi ile birinci sıradadır. 131 ülke arasında Türkiye’nin 116 yayın ve %1.70 yayın yüzdesi ile 17. sırada olduğu görülmüştür.

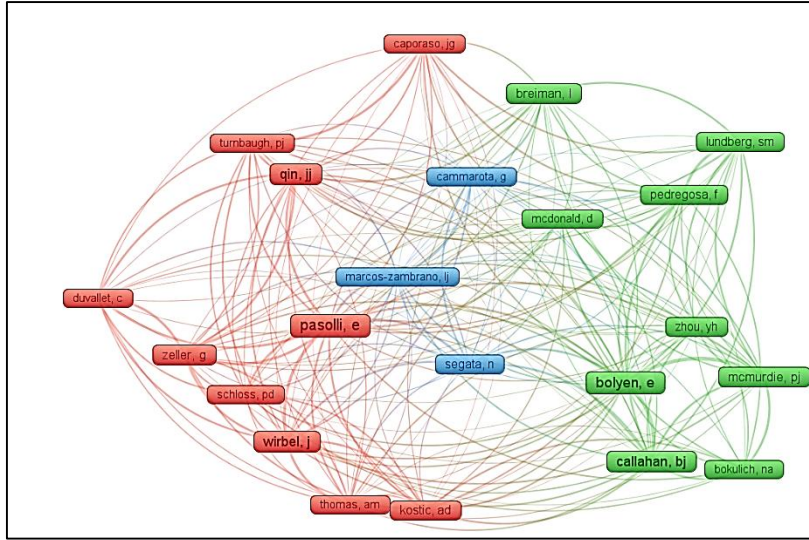
Çalışmalar kurum bazlı incelendiğinde ise en fazla yayın yapan kurumun Shanghai Medical University olduğu görülmüştür. İlk 10 kurum Tablo 2’de sunulmuştur.

Tablo 2. En çok yayın yapan ilk 10 kurum

Kurum Adı	Yayın Sayısı	%
SHANGHAI MEDICAL UNIVERSITY	51	1.78
UNIVERSITY OF CALIFORNIA SAN DIEGO HEALTH SCIENCES	49	1.71
UNIVERSITY OF CALIFORNIA SAN DIEGO SCHOOL OF MEDICINE	46	1.60
UNIVERSITY COLLEGE CORK APC MICROBIOME INSTITUTE	43	1.50
UNIVERSITY OF COPENHAGEN FACULTY OF HEALTH AND MEDICAL SCIENCES	41	1.43
ZHEJIANG UNIVERSITY SCHOOL OF MEDICINE	39	1.36
UNIVERSITY OF COPENHAGEN FACULTY OF SCIENCE	38	1.32
UNIVERSITY COLLEGE CORK COLLEGE OF SCIENCE ENGINEERING AND FOOD SCIENCE	36	1.25
JIANGNAN UNIVERSITY SCHOOL OF FOOD SCIENCE AND TECHNOLOGY	35	1.22
UNIVERSITY COLLEGE CORK SCHOOL OF MICROBIOLOGY	35	1.22

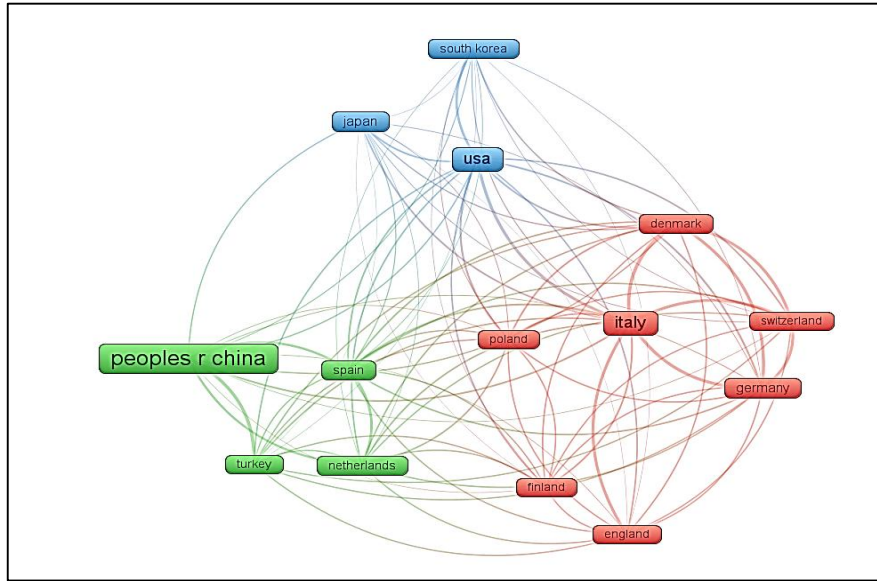
Anahtar kelimeler analiz edildiğinde elde edilen ağ görseli Şekil 2’de sunulmuştur.

Çalışmada anahtar kelimelerin ortaya çıkışı ve atıf patlamaları incelendiğinde; "machine learning", "gut microbiota", "microbiome", "intestinal microbiota", "metagenomics" yüksek frekanslı anahtar kelimeler arasındadır.



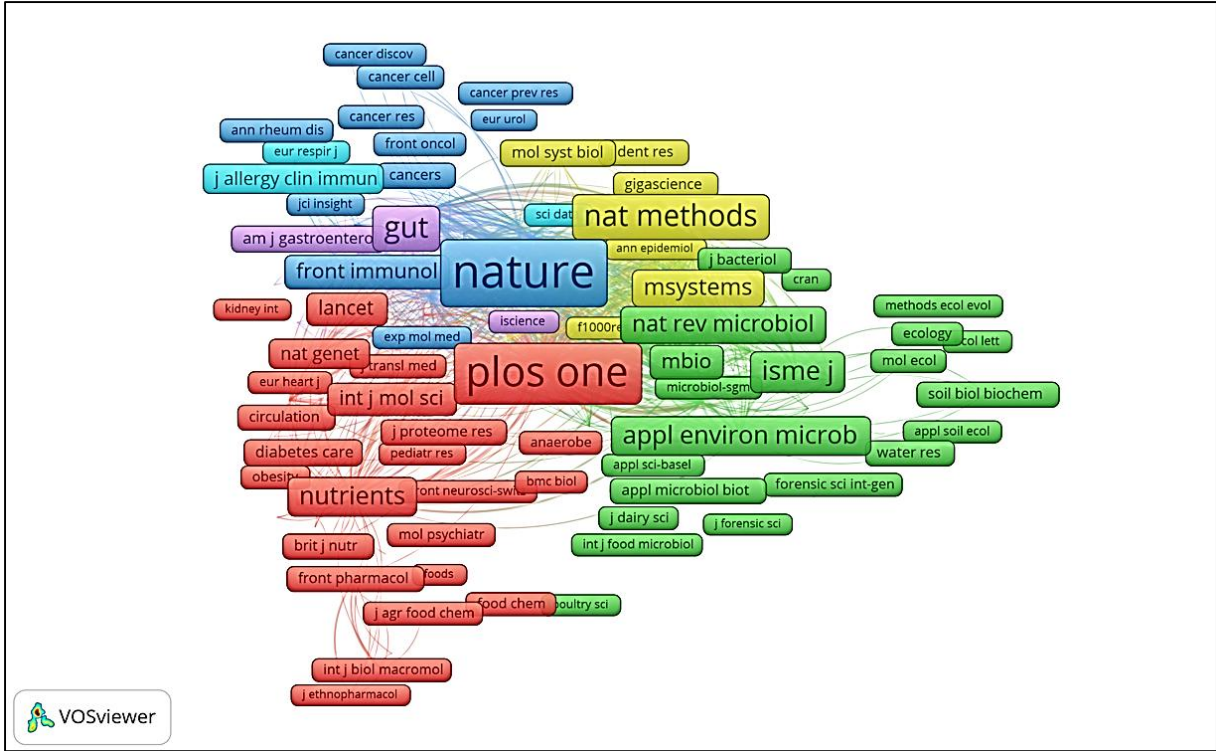
Şekil 4. Yazar işbirlikleri

Çalışmada, yazar işbirlikleri ve en fazla atıf alan yazarlar incelendiğinde “pasolli e.”, “bolyen e.” “callahan, bj” nin en fazla atıf alan yazarlar olduğu görülmüştür. Tüm yazar işbirlikleri Şekil 4’te sunulmuştur.



Şekil 5. Ülke işbirlikleri

Ülkeler arasındaki akademik işbirliklerini, araştırma alanlarındaki benzerlikleri ve küresel bilimsel eğilimleri incelemek için bibliyografik eşleşme (Bibliographic Coupling) yapılmıştır. Bu analiz sonucuna göre ABD, İtalya ve Çin’in en yüksek değerlere sahip olması, bu ülkelerin akademik çalışmalarının benzer kaynaklara dayandığını ve küresel bilimsel araştırmalarda merkezi bir rol oynadıklarını göstermektedir. Tüm ülke işbirlikleri Şekil 5’te sunulmuştur.



Şekil 6. En fazla atıf alan dergiler

Çalışmada atıf alan dergilen incelendiğinde ise en fazla atıfın ise “Nature” ve “Plos one” dergilerine olduğu görülmüştür. Sonuçlar Şekil 6’da sunulmuştur.

4. TARTIŞMA ve SONUÇ

Yapay zeka çağında mikrobiyota çalışmaları, verilerin büyük hacmi ve karmaşıklığı nedeniyle giderek daha fazla önem kazanmaktadır. Bu çalışmada, yüksek kalitede literatür içeren WoSCC veritabanından elde edilen veriler ışığında; küresel eğilimlerin ve henüz incelenmemiş konu başlıklarının belirlenmesi amacıyla bibliyometrik analiz gerçekleştirilmiştir. WoSCC veritabanı sürekli ve dinamik olarak güncellenmekte; etkili ve güvenilir bilgi sunmaktadır [12-14]. Son yıllarda konu ile ilgili yapılan çalışmalarda birçok hastalığın mikrobiyota ile ilişkilendirilmesi; bu alanın önemini ortaya koymaktadır. Bu çalışmada son beş yıl içerisinde mikrobiyota ve makine öğrenmesi konularında yapılan çalışmalar incelenmiştir. Sağlıkta yapay zeka algoritmalarının kullanıldığı ve başarılı modellerin geliştirildiği mikrobiyota alanında yapılan yayınların güncel konuları içermesi bu çalışmanın üstünlüklerindedir. Yayınlar yalnızca WoSCC veritabanının SCI-E ve SSCI kategorilerinde taranarak elde edilmiştir. Araştırmanın belirli sorgu operatörleri ile yapılmış olması ve çalışmaya yalnızca İngilizce yayınlar dahil edilmesi eksik literatür taramasına yol açabileceğinden çalışmanın sınırlılıklarındandır.

Yapay zeka çağında mikrobiyota çalışmaları, bağırsak mikrobiyotasının insan sağlığı üzerindeki etkilerini daha derinlemesine anlamak ve kişiselleştirilmiş tıbbi geliştirmek için büyük veri setlerini AI ve makine öğrenmesi algoritmalarıyla analiz etmeyi kapsamaktadır [15]. Bu çalışmalarla genetik dizilim, metagenomik, transkriptomik ve metabolomik veriler, makine öğrenmesi algoritmalarıyla incelenip mikrobiyota ve hastalıklar arasındaki ilişkiler netleştirilebilir. Yapay zeka ile mikrobiyota kompozisyonundan yola çıkarak gelişebilecek hastalık riskleri tahmin edilebilir. Bu alanda depresyon, otoimmün hastalıklar, inflamatuvar bağırsak hastalığı, obezite, diyabet ve kanser gibi toplumun büyük kesimini etkileyen hastalıkların etyopatogenezinin daha net bir şekilde ortaya konmasında makine

öğrenmesi algoritmaları kullanılabilir. Ayrıca, mikrobiyota profillerine göre kişiselleştirilmiş uygun diyet ile probiyotik ve prebiyotik takviyelerinin düzenlenmesine yardımcı olunabilir[16-19].

Sonuç olarak, makine öğrenmesi ve mikrobiyota ile ilgili araştırmaların son beş yılda ivme kazandığı görülmektedir. Çin bu araştırma alanında lider ülke olup ABD' nin de bu alanının gelişimini teşvik etmede belirli bir rol oynadığı görülmektedir. Bu çalışmanın ülkemizin Dünya sıralamasındaki yerinin iyileştirilmesine ışık tutacağı düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- [1] Karatay, E. (2019). Mikrobiyota, prebiyotik ve probiyotikler. *Anadolu Güncel Tıp Dergisi*, 1(3), 68-71.
- [2] Iadanza, E., Fabbri, R., Bašić-Čičak, D., Amedei, A., & Telalovic, J. H. (2020). Gut microbiota and artificial intelligence approaches: a scoping review. *Health and Technology*, 10(6), 1343-1358.
- [3] Li, P., Luo, H., Ji, B., & Nielsen, J. (2022). Machine learning for data integration in human gut microbiome. *Microbial Cell Factories*, 21(1), 241.
- [4] Liu, X., Liu, D., Tan, C. E., & Feng, W. (2023). Gut microbiome-based machine learning for diagnosing liver fibrosis and cirrhosis: a systematic review and meta-analysis. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, 23(1), 294.
- [5] Zhang, X., Zhang, D., Zhang, X., & Zhang, X. (2024). Artificial intelligence applications in the diagnosis and treatment of bacterial infections. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1449844.
- [6] C. Cuccurullo, M. Aria, and F. Sarto, "Foundations and trends in performance management. A twenty-five years bibliometric analysis in business and public administration domains," *Scientometrics*, vol. 108, no. 2, pp. 595–611, Aug. 2016, doi: 10.1007/s11192-016-1948-8.
- [7] S. Büyükkidik, "A Bibliometric Analysis: A Tutorial for the Bibliometrix Package in R Using IRT Literature," *Journal of Measurement and Evaluation in Education and Psychology*, vol. 13, no. 3, pp. 164–193, Sep. 2022, doi: 10.21031/EPOD.1069307.
- [8] R. Bailón-Moreno, E. Jurado-Alameda, R. Ruiz-Baños, and J. P. Courtial, "Bibliometric laws: Empirical flaws of fit," *Scientometrics*, vol. 63, no. 2, pp. 209–229, Apr. 2005, doi: 10.1007/s11192-005-0211-5.
- [9] Derviş, H. (2019). Bibliometric analysis using bibliometrix an R package. *Journal of scientometric research*, 8(3), 156-160.
- [10] Van Eck, N., & Waltman, L. (2010). Software survey: VOSviewer, a computer program for bibliometric mapping. *scientometrics*, 84(2), 523-538.
- [11] M. Aria, C. Cuccurullo, and F. Sarto, "Exploring healthcare governance literature: systematic review and paths for future research," *MECOSAN*, no. 91, pp. 61–80, Jan. 2015, doi: 10.3280/MESA2014-091004.
- [12] Shen, L., Wang, S., Dai, W., & Zhang, Z. (2019). Detecting the interdisciplinary nature and topic hotspots of robotics in surgery: social network analysis and bibliometric study. *Journal of medical Internet research*, 21(3), e12625.
- [13] Zhang, X. L., Zheng, Y., Xia, M. L., Wu, Y. N., Liu, X. J., Xie, S. K., ... & Wang, M. (2020). Knowledge domain and emerging trends in vinegar research: a bibliometric review of the literature from WoSCC. *Foods*, 9(2), 166.

- [14] Shen, L., Xiong, B., Li, W., Lan, F., Evans, R., & Zhang, W. (2018). Visualizing collaboration characteristics and topic burst on international mobile health research: bibliometric analysis. *JMIR mHealth and uHealth*, 6(6), e9581.
- [15] Iadanza, E., Fabbri, R., Bašić-Čičak, D., Amedei, A., & Telalovic, J. H. (2020). Gut microbiota and artificial intelligence approaches: a scoping review. *Health and Technology*, 10(6), 1343-1358.
- [16] Cammarota, G., Ianiro, G., Ahern, A., Carbone, C., Temko, A., Claesson, M. J., ... & Tortora, G. (2020). Gut microbiome, big data and machine learning to promote precision medicine for cancer. *Nature reviews gastroenterology & hepatology*, 17(10), 635-648.
- [17] Manandhar, I. (2021). Artificial intelligence-based clinical classification of diseases: Utilizing gut microbiota as a feature for supervised learning and diagnostic screening of inflammatory bowel diseases (Master's thesis, University of Toledo).
- [18] Kok, C. R., Rose, D., & Hutkins, R. (2023). Predicting personalized responses to dietary fiber interventions: opportunities for modulation of the gut microbiome to improve health. *Annual Review of Food Science and Technology*, 14(1), 157-182.
- [19] Heyat, M. B. B., Akhtar, F., Munir, F., Sultana, A., Muaad, A. Y., Gul, I., ... & Wu, K. (2024). Unravelling the complexities of depression with medical intelligence: exploring the interplay of genetics, hormones, and brain function. *Complex & Intelligent Systems*, 1-33.

SB42

In Silico Screening of Plant-Derived Compounds for the Treatment of Type 2 Diabetes Mellitus: A Molecular Docking Approach

Ayşe Banu PAK^{1*}, Mustafa Emre ERCİN²

¹ Karadeniz Technical University, Faculty of Medicine, Department of Biostatistics and Medical Informatics, 61300, Trabzon, Turkey

² University of Health Sciences, Ankara Atatürk Sanatorium Health Application and Research Center, Department of Pathology, Ankara, Turkey

* Corresponding author: aysebanu.pk@gmail.com

Objective: The aim of this study was to investigate the potential effects of *Beta vulgaris* (beetroot) in the treatment of *Type 2 Diabetes Mellitus (T2DM)*, to identify novel antidiabetic compounds from this plant and to contribute to the elucidation of the molecular mechanisms of these compounds.

Method: The interaction between the phytochemicals of *Beta vulgaris* and the target protein target, PDB id: 3DH4 was analyzed by molecular docking. Phytochemicals of *Beta vulgaris* were identified using the IMPPAT database. Molecular docking analysis was performed using Autodock Vina. 3D structures of the identified phytochemicals were downloaded from IMPPAT and PubChem databases in sdf format and prepared for docking analysis using OpenBabel. The 3D structure of the target protein was obtained from RCSB PDB (3DH5) and prepared using Chimera. BIOVIA Discovery Studio was used to determine the active binding site of the protein and to examine and visualise the interactions of protein-ligand complex structures.

Results: Using the IMPPAT database identified 29 phytochemicals for *Beta vulgaris*. A molecular docking analysis was performed between the 3DH5 protein and this phytochemicals. The analysis yielded binding energies for the phytochemicals that ranged from -10.4 kcal/mol to -4.5 kcal/mol. In the evaluation of the results of molecular docking analysis, the binding energy (-7.5 kcal/mol) of the ligand (GAL) in the protein was taken as a reference. This binding energy was employed as a pivotal criterion for determining the interaction strength of phytochemicals with the target protein and their antidiabetic potential. A comparison of the binding energies of the phytochemicals with the (GAL: -7.5 kcal/mol) binding energy of the reference ligand revealed that 12 molecules exhibited lower binding energies. Protein-ligand interactions showed that they had similar interactions with the reference ligand.

Conclusion and Discussion: Of the 29 phytochemicals, 12 were found to exhibit binding energies that were lower than that of the reference ligand. These 12 ligand molecules demonstrated a better binding affinity relative to the reference ligand. Upon analysis of the protein-ligand interactions, it was observed that the ligands exhibited binding at analogous sites and exhibited similar interactions with the reference ligand. This study investigated the effects of *Beta vulgaris* on *T2DM* at the molecular level. According to the results of the analysis, Silibinin, Rutin, alpha-Spinasterol glucoside, Oleanolic acid, Chlorogenic acid, Vitexin, Betanine, Betanidin, Miraxanthin IIS, Ajmalicine, Gibberellic acid, Caffeic acid are suggested as potential antidiabetic candidates. These compounds are predicted to reduce blood glucose levels by inhibiting glucagon release, similar to SGLT-2 inhibitors. Using modern techniques, it is thought that these molecules could be used to develop an effective antidiabetic drug from a natural source. However, in vitro and in vivo studies are required to better understand the antidiabetic properties of these compounds. This study can be considered as a reference for further research.

Keywords: Molecular docking, *Beta vulgaris*, bioinformatics, T2DM, autodock vina, PDB ID: 3DH4.

Introduction

Type 2 diabetes mellitus (T2DM) is defined as a disease characterized by elevated blood glucose levels resulting from insufficient insulin production by pancreatic cells and insulin resistance (Ojo et al., 2024). The primary pathogenic mechanism of the disease is characterized by insufficient insulin secretion and insulin resistance (Wu et al., 2022). A variety of pharmaceutical agents, including sulfonylureas, biguanides, thiazolidinediones, and glycosidase inhibitors, which target the distinct mechanisms of action associated with the disease, are commonly utilized in clinical practice to manage the symptoms of hyperglycemia and insulin resistance in patients with *T2DM* (Guo et al., 2018). However, the efficacy of these drugs in the treatment of *T2DM* is limited and is associated with adverse effects, including increased appetite and weight gain (Wu et al., 2022). In light of these considerations, the search for more effective drugs derived from medicinal plants has recently been identified as a priority area of research.

SGLT2 (Sodium-Glucose Cotransporter 2) is a class of pharmaceutical agents utilized in the management of *T2DM*. SGLT-2 is primarily responsible for the reabsorption of 90% of filtered glucose, amino acids, and vitamins in the kidney (Sharma et al., 2020). By inhibiting the reabsorption process, these inhibitors reduce blood glucose levels by increasing the excretion of glucose in the urine. This mechanism of action is of significant importance in the treatment of the disease (Bhattacharya et al., 2020). The mechanism of action of these inhibitor drugs facilitates a reduction in blood glucose levels by enabling the kidneys to perform their function more effectively. SGLT2 have a distinctive site of action (Opie, 2014).

Plants are employed in a variety of ways in the treatment of diseases. The extensive application of molecular docking analysis has led to a surge in research exploring the potential of plant phytochemicals in disease treatment and as novel drug candidates (Wu et al., 2022). It is established that a variety of plants are employed in the treatment of disease (Guo et al., 2018).

Natural products are generally less toxic than synthetic drugs, which makes the isolation and identification of phytochemicals with beneficial effects an area of great interest (Thiruvengadam et al., 2024). *Beta vulgaris*, or beetroot, represents a significant economic crop. Additionally, *Beta vulgaris* is employed in the management of conditions such as diabetes, obesity, digestive disorders, and kidney health. A considerable number of naturally occurring plant chemicals have been identified as having significant potential for the treatment of diabetes and its associated complications (Jiao et al., 2021). As scientific knowledge grows and the field of science advances, so too does interest in herbal medicines. In this context, as scientific knowledge progresses, herbal medicines are receiving increased attention, and numerous natural plant chemicals demonstrate considerable clinical potential for combating diabetes and its complications (Jiao et al., 2021).

The objective of the present study is to ascertain the molecular mechanisms of novel antidiabetic compounds with a reduced incidence of adverse effects and enhanced efficacy in the prevention and management of *T2DM*. This will facilitate the identification of novel therapeutic targets. In this context, the study identified compounds derived from *Beta vulgaris* and investigated their potential for treating the disease through molecular docking analysis.

Material and Method

Protein Preparation for Molecular Docking

In the present study, the SGLT-2 receptor (PDB ID: 3DH4) was selected as the target protein. The protein structure with PDB ID 3DH4 was utilized as the target protein for in silico screening via molecular docking. The three-dimensional crystallographic structure of the protein was obtained from the Protein Data Bank (www.rcsb.org) and saved in PDB format (Berman et al., 2002). It is advisable to remove all water and solvent molecules from the PDB file prior to docking, as they do not play a significant role in the protein. In this context, prior to undertaking molecular docking analysis, non-protein structures (water, ions, etc.) within the protein were removed using UCSF Chimera (Pettersen et al., 2004) and checked for any missing hydrogen atoms. Subsequently, the prepared protein was saved in PDBQT format for docking analysis.

Preparation of Ligands for Molecular Docking

A search of the Indian Medicinal Plants, Phytochemistry and Therapeutics (IMPPAT) (<https://cb.imsc.res.in/imppat/>) database (Mohanraj et al., 2018) revealed the presence of 29 distinct phytochemicals in *Beta vulgaris*. The three-dimensional structures of these phytochemicals were obtained in structure data format (sdf) from the IMPPAT and PubChem databases (<https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/>). The downloaded phytochemicals were optimized to achieve the most stable structure using the General Amber Force Field (GAFF) method. Subsequently, the compounds were converted to pdbqt format using OpenBabel and prepared for molecular docking analysis.

Determination of Active Site

The binding site residues critical for ligand interaction need to be identified. In this context, the binding site was determined with reference to the GAL ligand molecule in complex with the protein. The coordinates of the active site were determined using Discovery Studio Client (Studio 2008) and the grid box parameters were defined as 20x20x20 Å (Angstrom) on the x, y and z axes and the center coordinates were defined as x:-6.94, y:3.99, z:85.54.

Molecular Docking

Molecular docking studies are a fundamental tool in the field of drug design. This method facilitates the development of new drugs by enabling the assessment of the compatibility of a ligand with a specific target protein. The method is founded upon the examination of protein-ligand interactions and binding conformations, with the objective of identifying the most stable conformation between protein and ligand. In this study, molecular docking analysis was conducted using a prepared protein (protein.pdbqt) and ligands (ligand.pdbqt) molecules. The analysis was conducted using the AutoDock Vina 1.1.2 software (Trott & Olson, 2010). This method enables the identification of potentially biologically active compounds that interact with the target protein. The binding energy of the reference ligand was employed to assess the results of the analysis.

Results

Molecular Docking

In order to investigate the antidiabetic properties of phytochemicals, an in silico molecular docking analysis was conducted on 29 compounds against the SGLT-2 target using AutoDock Vina. All 29 phytochemicals were subjected to molecular docking analysis with the protein with PDB ID 3DH4. The analysis yielded binding energies for the identified phytochemicals against SGLT-2 inhibitors that ranged from -10.4 kcal/mol to -4.5 kcal/mol. In comparison to the binding energy of the reference ligand (GAL) (-7.5 kcal/mol), the 12 phytochemicals demonstrated a lower binding energy than that of

the reference ligand, indicating a superior binding affinity. The 12 ligands were selected based on their binding affinity, as detailed in Table 1.

Table 1. Molecular docking analysis results

S. NO	Phytochemical name	PubChem Compound CID	Binding energy
0	Referans (GAL)	439353	-7.5 kcal/mol
1	Miraxanthin	31553	-10.4 kcal/mol
2	Chlorogenic acid	5280805	-9.6 kcal/mol
3	Rutin	12960505	-9.4 kcal/mol
4	Vitamin E	10494	-9.1 kcal/mol
5	Betanine	1794427	-9 kcal/mol
6	Betanidin	5280441	-8.7 kcal/mol
7	Ajmalicine	6540685	-8.6 kcal/mol
8	Silibinin	135449343	-8.5 kcal/mol
9	Vitexin	135438594	-8.4 kcal/mol
10	Isobetanine	441975	-8.2 kcal/mol
11	Gibberellic acid	6466	-8 kcal/mol
12	Caffeic acid	689043	-7.6 kcal/mol

The phytochemicals exhibiting the lowest binding energies against SGLT-2 inhibitors are presented in the table above (Table 1). A comparison of the 29 phytochemicals with the reference ligand revealed that 12 of them exhibited a superior binding energy. It is postulated that these phytochemicals can be identified as anti-diabetic chemical components derived from *Beta vulgaris*.

Investigation of Protein-Ligand Interaction

A greater success rate in drug discovery can be achieved by studying the interactions between ligand and receptor proteins, thereby enabling the identification of the most suitable molecules. In this study, the visualization of the interactions of protein-ligand complex structures of 12 of the 29 phytochemicals identified with the target with PDB ID 3DH4 was examined using Discovery Studio 2021 Client. The figure below illustrates the three-dimensional and two-dimensional visualization of the interaction between the reference ligand and the protein (Fig 1). It is evident that van der Waals and hydrogen bond interactions are present between the 3DH4 protein and the reference ligand (GAL). The results of the classical hydrogen bonding analysis demonstrate that there is a robust binding interaction between the protein and the ligand. Furthermore, the amino acids present within the active site of the 3DH4 protein are as follows: The amino acids present within the active site of the 3DH4 protein include ASN64, GLN69, SER91, ASN260, LYS294, GLN428, TYR87, GLU88, and TRP264.

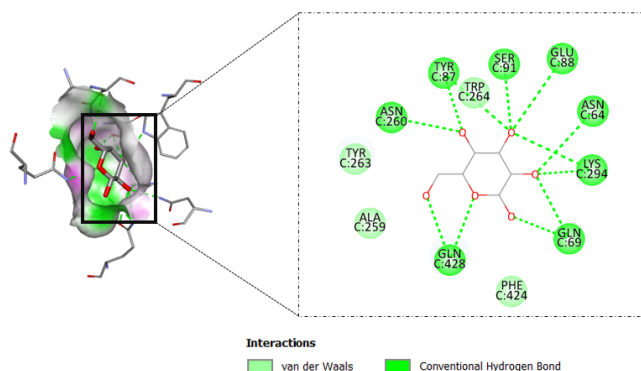
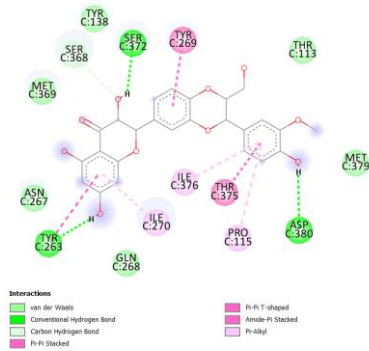


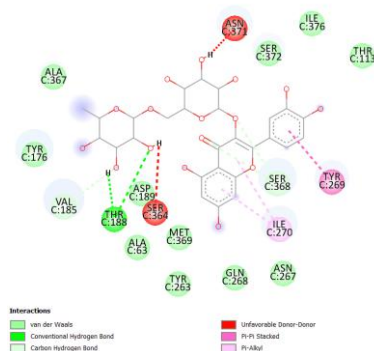
Figure. 1. 3D and 2D representation of reference ligand (GAL) interaction with 3DH4 protein

The stability of the investigated ligands within the binding pocket of proteins is contingent upon the presence of appropriate hydrophobic, hydrogen bonding, and pi-interaction properties. During the course of our research, protein-ligand complexes of 12 molecules with a lower binding affinity than that of the reference ligand were formed. The complexes were subjected to visualization of hydrogen bonds and non-covalent interactions. The two-dimensional schematic structures of these molecules are provided in the table below (Table 2). It was observed that these molecules exhibited comparable interactions with the reference ligand. It is hypothesized that these ligands possess anti-diabetic potential through their ability to bind to residues of the SGLT-2 receptor.

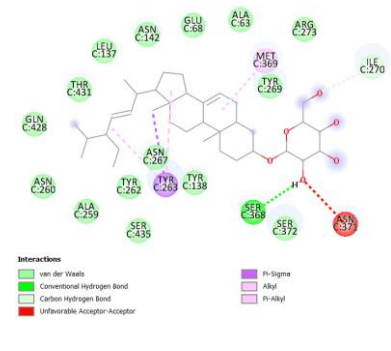
Table 2. The protein-ligand interaction 2D interactions diagrams (3DH4_Ligand_2D_Interactions).



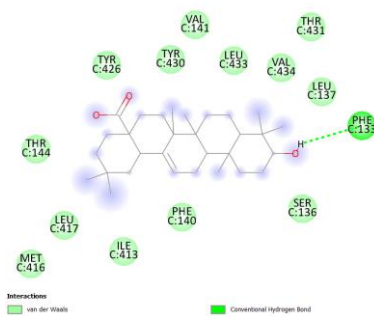
3DH4 complex with 31553



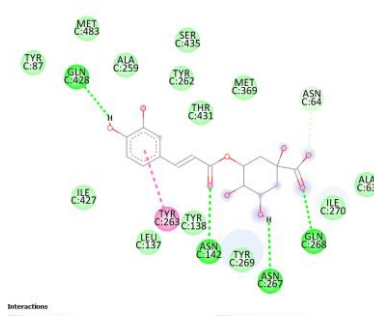
3DH4 complex with 5280805



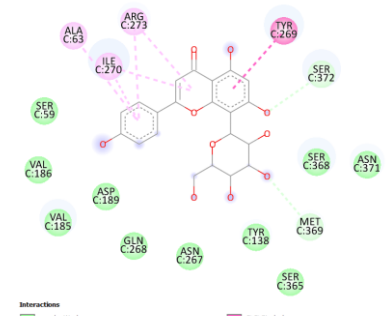
3DH4 complex with 12960505



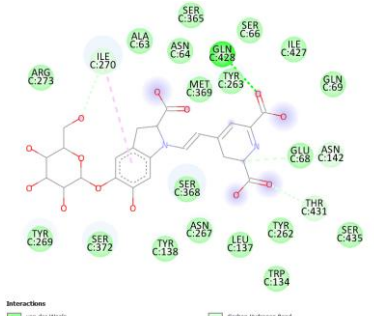
3DH4 complex with 10494



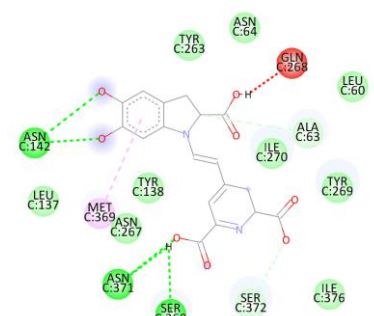
3DH4 complex with 1794427



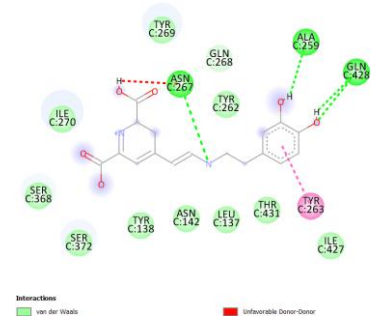
3DH4 complex with 5280441



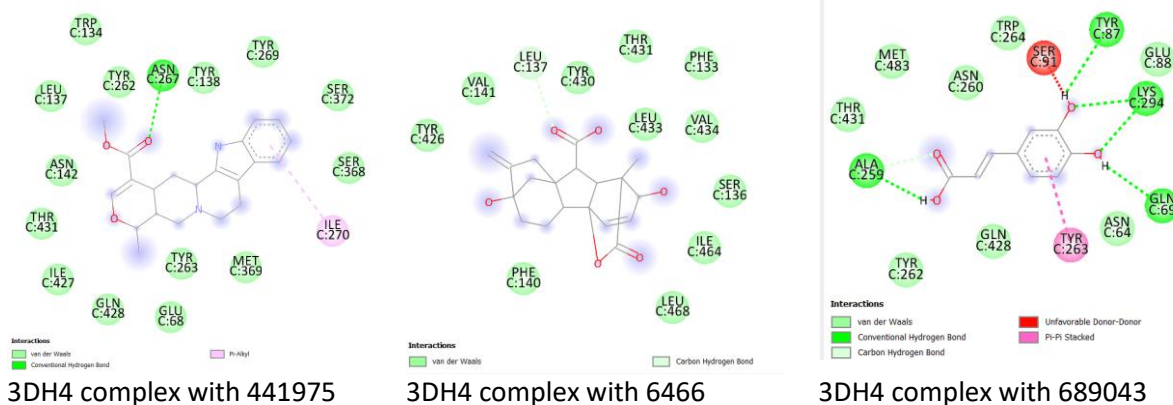
3DH4 complex with 6540685



3DH4 complex with 135449343



3DH4 complex with 135438594



The bond information of the protein-ligand complexes presented in Table 2 is as follows: conventional hydrogen bond, carbon hydrogen bond, pi-pi stacked, pi-pi T-shaped, amide-pi stacked, pi-alkyl, pi-sigma, alkyl, unfavorable donor-donor, unfavorable acceptor-acceptor. These interactions, as observed in our study, are of significant importance in understanding the mechanism of ligand binding to the protein. The presence of positive interactions, including conventional hydrogen bonds, pi-pi stacked interactions, pi-alkyl interactions, and amide-pi stacked interactions, indicates that ligand-protein binding can be robust and selective. In contrast, negative interactions, such as unfavorable donor-donor and unfavorable acceptor-acceptor, suggest the potential destabilization of the binding site. In general, the paucity of negative interactions and the prevalence of positive interactions indicate that the ligand interacts with the protein in a robust manner and that these ligand molecules may function as effective inhibitors.

Conclusion and Discussion

The present study investigated the antidiabetic activity of compounds derived from *Beta vulgaris*. Molecular docking analysis was conducted to assess their potential as therapeutic agents for *T2DM*, targeting the SGLT-2. The results of the molecular docking analysis indicated that twelve of the twenty-nine compounds exhibited a superior binding affinity compared to the control group.

In light of the binding affinity data and interactions observed, 12 compounds derived from *Beta vulgaris*, namely silibinin, rutin, alpha-spinasterol glucoside, oleanolic acid, chlorogenic acid, vitexin, betanine, betanidin, miraxanthin III, ajmalicine, gibberellic acid, and caffeic acid, have been identified as potential antidiabetic candidates. The antidiabetic activity of these compounds can be tested in vitro and in vivo, allowing for their evaluation as potential new lead drug candidates. Nevertheless, we posit that these compounds should be subjected to further in vitro and in vivo studies to investigate their potential as antidiabetic agents.

In light of the findings of our study, we posit that the identified compounds have the potential to serve as a valuable resource for the development of novel antidiabetic drugs. Furthermore, it is believed to be a valuable resource for researchers engaged in the ongoing pursuit of novel and efficacious formulations for the management of *T2DM* patients. Furthermore, we propose that the findings presented here serve as a foundation for future research endeavors. Nevertheless, further validation is required through molecular dynamics studies, in vitro and in vivo evaluations.

A review of the literature reveals that the effects of *Beta vulgaris* on *T2DM* have been the subject of investigation in a number of studies. For example, a study conducted by M. Aliahmadi and colleagues examined the effects of raw *Beta vulgaris* consumption on metabolic markers and cognitive function in patients with *T2DM*. In another study, the functional properties of non-traditional parts of *Beta vulgaris* such as stems and leaves were investigated (Lorizola et al., 2020). The objective of this study

was to examine the molecular mechanisms of the phytochemicals present in *Beta vulgaris* in order to ascertain their effect on diabetes.

References

Berman, H. M., Battistuz, T., Bhat, T. N., Bluhm, W. F., Bourne, P. E., Burkhardt, K., Feng, Z., Gilliland, G. L., Iype, L., & Jain, S. (2002). The protein data bank. *Acta Crystallographica Section D: Biological Crystallography*, 58(6), 899–907.

Bhattacharya, S., Rathore, A., Parwani, D., Mallick, C., Asati, V., Agarwal, S., Rajoriya, V., Das, R., & Kashaw, S. K. (2020). An exhaustive perspective on structural insights of SGLT2 inhibitors: A novel class of antidiabetic agent. *European Journal of Medicinal Chemistry*, 204, 112523.

Guo, Y., Fu, W., Xin, Y., Bai, J., Peng, H., Fu, L., Liu, J., Li, L., Ma, Y., & Jiang, H. (2018). Antidiabetic and antiobesity effects of artemether in db/db mice. *BioMed Research International*, 2018(1), 8639523.

Jiao, X., Liu, H., Lu, Q., Wang, Y., Zhao, Y., Liu, X., Liu, F., Zuo, Y., Wang, W., & Li, Y. (2021). Study on the mechanism of *Prunella vulgaris* L on diabetes mellitus complicated with hypertension based on network pharmacology and molecular docking analyses. *Journal of Diabetes Research*, 2021(1), 9949302.

Lorizola, I. M., Miyamoto, J. É., Vieira, A. L. F., Sumere, B. R., Bezerra, R. M. N., Torsoni, M. A., Torsoni, A. S., Rostagno, M. A., Milanski, M., & Capitani, C. D. (2020). *Beet (Beta vulgaris L.) Stalk and Leaf Supplementation Improves Glucose Homeostasis and Insulin Resistance Markers in Liver of Mice Exposed to a High-Fat Diet*.

Ojo, O. A., Gyebi, G. A., Ezenabor, E. H., Iyobhebhe, M., Emmanuel, D. A., Adelowo, O. A., Olujinmi, F. E., Ogunwale, T. E., Babatunde, D. E., & Ogunlakin, A. D. (2024). Exploring beetroot (*Beta vulgaris* L.) for diabetes mellitus and Alzheimer's disease dual therapy: in vitro and computational studies. *RSC Advances*, 14(27), 19362–19380.

Opie, L. H. (2014). Sodium glucose co-transporter 2 (SGLT2) inhibitors: new among antidiabetic drugs. *Cardiovascular Drugs and Therapy*, 28, 331–334.

Pettersen, E. F., Goddard, T. D., Huang, C. C., Couch, G. S., Greenblatt, D. M., Meng, E. C., & Ferrin, T. E. (2004). UCSF Chimera—a visualization system for exploratory research and analysis. *Journal of Computational Chemistry*, 25(13), 1605–1612.

Sharma, P., Joshi, T., Joshi, T., Chandra, S., & Tamta, S. (2020). In silico screening of potential antidiabetic phytochemicals from *Phyllanthus emblica* against therapeutic targets of type 2 diabetes. *Journal of Ethnopharmacology*, 248, 112268.

Thiruvengadam, M., Chung, I.-M., Samynathan, R., Chandar, S. R. H., Venkidasamy, B., Sarkar, T., Rebezov, M., Gorelik, O., Shariati, M. A., & Simal-Gandara, J. (2024). A comprehensive review of beetroot (*Beta vulgaris* L.) bioactive components in the food and pharmaceutical industries. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 64(3), 708–739.

Trott, O., & Olson, A. J. (2010). AutoDock Vina: improving the speed and accuracy of docking with a new scoring function, efficient optimization, and multithreading. *Journal of Computational Chemistry*, 31(2), 455–461.

Wu, Z., Gong, H., Shen, Y., Han, H., Zhu, W., Tian, J., Fan, H., & Li, S. (2022). Hypoglycemic and hypolipidemic effects of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) extract on C57BL/KsJ db/db mice. *Rendiconti Lincei. Scienze Fisiche e Naturali*, 33(1), 205–212.

SB43

KOAH Hastalarında Yaşam Kalitesinin Değerlendirilmesi: Bilişsel Tanı Modeli Analizlerinin Web Tabanlı Bir Arayüze Dönüştürülmesi

Pervin Demir*, Selcen Yüksel

Ankara Yıldırım Beyazıt Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik ve Tıbbi Bilişim Anabilim Dalı, 06000, Ankara, TÜRKİYE

* Sorumlu Yazar: pervin.demr@gmail.com

Amaç: Bu çalışmanın amacı, Kronik Obstrüktif Akciğer Hastalığı (KOAH) hastalarının sağlıkla ilişkili yaşam kalitesini (HRQoL) belirlemede kullanılan St. George Solunum Ölçeği (SGRQ)' nin Bilişsel Tanı Modeli (BTM) ile değerlendirilmesini sağlayan kullanıcı dostu bir web tabanlı platform geliştirmektir. Geliştirilen bu arayüz, SGRQ'den elde edilen sonuçların hasta bazlı analizini kolaylaştırmakta ve ölçek maddelerinin gizli yetkinliklerle ilişkilerini BTM aracılığıyla detaylı bir şekilde inceleme olanağı sunmaktadır. Bu arayüz, sağlık profesyonelleri ve araştırmacılara, BTM' nin sunduğu verileri daha etkin ve erişilebilir bir biçimde kullanma imkânı sağlayacaktır.

Yöntem: Çalışma kapsamında, ardışık Genelleştirilmiş Deterministik Girdi, Gürültülü ve Geçit Modeli (G-DINA) analizleri, interaktif bir web arayüzüne entegre edilmiştir. Bu arayüz, semptomlar, aktivite kısıtlamaları ve genel etki gibi sağlıkla ilgili boyutları kolayca analiz edebilme ve hasta bazında sonuçları detaylı inceleme imkânı sunmaktadır. Arayüz, verilerin BTM ile analizini, tahmin edilen gizli özelliklerin olasılıklarının hesaplanmasını ve "guessing" ile "slipping" gibi parametrelerin görselleştirilmesini sağlamaktadır. Arayüz, R programlama dilinde Shiny kütüphanesi kullanılarak geliştirilmiştir ve kullanıcıların, ölçek maddelerine verilen yanıtlar ile Q matrisini içeren iki ".csv" dosyasını sisteme yüklemelerine imkân tanımaktadır. Yüklenen veriler, BTM ile analiz edilmekte ve sonuçlar, grafiksel olarak görselleştirilmektedir.

Bulgular: Geliştirilen arayüz, kullanıcıların SGRQ ölçek maddelerine verilen yanıtları ve bu maddelerin gizli özelliklerle ilişkisini tanımlayıp analiz etmelerini sağlamaktadır. Kullanıcılar, ilgili arayüze "<https://spapp.shinyapps.io/SGROseqGDINA/> " linki üzerinden ulaşabilir ve analiz için iki farklı ".csv" dosyasını yükleyebilirler. Arayüz, analiz sonuçlarını dört ana sekmede sunmaktadır: Her bir sekme, kullanıcılara verinin farklı analiz düzeylerinde detaylı bilgileri, tablo ve grafiklerle sunmaktadır. Sonuçlar, genel ve hasta bazında ayrıntılı bir şekilde incelenebilmektedir.

Sonuç ve Tartışma: Bu çalışma, BTM analizlerini web tabanlı bir platforma entegre ederek sağlık profesyonellerine KOAH hastalarının sağlıkla ilişkili yaşam kalitesini daha etkili bir şekilde değerlendirme imkânı sunmaktadır. BTM' nin bu yenilikçi kullanımı, kişiselleştirilmiş sağlık hizmetlerinin geliştirilmesine önemli katkılar sağlayarak, KOAH hastalarına yönelik müdahale yaklaşımlarını daha hedeflenebilir hale getirecektir. Platform, sağlık profesyonellerinin ve araştırmacıların hasta odaklı verileri daha hızlı ve doğru bir şekilde analiz etmelerine yardımcı olmayı hedeflemektedir. Gelecekte daha kapsamlı bir yazılım olarak geliştirilmesi planlanan bu arayüz, sağlık profesyonelleri ve araştırmacılara BTM' nin sunduğu verileri daha etkin ve pratik bir şekilde kullanma olanağı tanıyacaktır. Ayrıca, ilerleyen zamanlarda başka hastalık grupları için de uyarlanarak, sağlık hizmetlerinde daha geniş bir yelpazede kullanılabilir.

Anahtar Kelimeler: GDINA model, SGRQ, KOAH, R Shiny

Giriş

Sağlıkla ilgili yaşam kalitesi (HRQoL), bir bireyin sağlık durumu, fiziksel, psikolojik ve sosyal işlevselliği ile hastalıkların ve tedavilerin yaşam kalitesine etkilerini ölçen önemli bir kavramdır [1]. Bu kavram, sadece fiziksel sağlık durumunu değil, aynı zamanda duygusal ve psikolojik faktörleri de kapsayan geniş bir perspektifle bireylerin yaşam kalitesini değerlendirebilir. HRQoL, hastalıkların bireylerin günlük yaşamlarına etkisini anlamak için kullanılır ve genellikle hastaların semptomlarla başa çıkma becerilerine odaklanır.

Solunum yolu hastalıkları, özellikle Kronik Obstrüktif Akciğer Hastalığı (KOAH) gibi kronik hastalıkların yönetimi, bireylerin yaşam kalitesini önemli ölçüde etkileyebilir. St. George's Respiratory Ölçeği (SGRQ), bu hastalıkların yaşam kalitesine olan etkilerini ölçmek için yaygın olarak kullanılan bir değerlendirme aracıdır [2,3]. 50 maddeden oluşan bu ölçek, hastaların semptomları, fiziksel sağlık durumları ve günlük aktiviteleri üzerindeki etkileri değerlendirmektedir. Ancak mevcut hesaplama yöntemleri yalnızca ham skorlar üzerinden genel sonuçlar sunmakta olup, bireysel farklılıkları detaylı bir şekilde inceleme imkânı sağlamamaktadır.

Son yıllarda, klinik uygulamalarda kişiselleştirilmiş tedavi yaklaşımlarının geliştirilmesi giderek daha fazla önem kazanmaktadır. Bireylerin işlevsel beceri düzeylerine göre kişiselleştirilmiş tedavi yaklaşımlarının oluşturulması için klinik alanda yeni ve farklı yöntemlere duyulan ihtiyaç artmıştır. Bu bağlamda, eğitim alanında yaygın olarak kullanılan Bilişsel Tanı Modelleri (BTM), sağlık alanına entegre edilmeye başlanmıştır [4]. BTM'ler, bireylerin ham skorları yerine, her bir maddenin altında yatan bilişsel süreçleri analiz ederek, hastaların semptomlarla nasıl başa çıktıklarını ve tedaviye nasıl yanıt verdiklerini daha doğru bir şekilde ortaya koymaktadır. Bu yaklaşım, bireylerin güçlü ve zayıf yönlerini anlamamıza yardımcı olarak, kişiye özel tedavi planlarının geliştirilmesine olanak tanımaktadır.

Bu çalışmanın amacı, KOAH hastalarının sağlıkla ilişkili yaşam kalitesini değerlendirmek için kullanılan SGRQ'yi BTM ile analiz eden kullanıcı dostu bir web tabanlı platform geliştirmektir. Bu platform, sağlık profesyonellerine hastaların semptomlarını ve yaşam kalitesi ile ilişkili özelliklerini daha doğru bir şekilde analiz etme imkânı sunacak ve klinik karar verme süreçlerini optimize edecektir. Geliştirilen arayüz, ardışık GDINA modelinin avantajlarından faydalanarak sağlık profesyonellerinin verilerini daha kolay bir şekilde analiz etmelerine olanak tanıyacaktır.

Yöntem

Çalışmada kullanılan SGRQ, 50 maddeden oluşan ve yaşam kalitesini üç boyutta ölçen bir değerlendirme aracıdır [2,3]. Ölçekteki bazı maddeler 5'li Likert tipi, bazıları ise ikili yanıt kategorilerine sahiptir. Bireyler, semptomlar, aktiviteler ve hastalığın etkisi yönünden değerlendirilmektedir.

Model

BTM, bireylerin test veya ölçüm aracına verdikleri yanıtlardan, sahip oldukları gizli özellikleri anlamayı amaçlayan istatistiksel bir yaklaşımdır [4-6]. Bu modeller, bireylerin bilişsel ya da işlevsel becerilerini tanımlamaya yönelik olup, genellikle gizli özelliklerin (nitelikler) varlığına dayanır ve bu özelliklerin kombinasyonları aracılığıyla bireylerin bilişsel profillerini oluşturur. BTM'ler, DINA ve DINO gibi daha basit ikili yanıtlar üzerinde çalışan modellerin ötesine geçerek, GDINA gibi daha esnek yapılarla çoklu becerilerin etkilerini detaylı bir şekilde inceleyebilme imkânı sunar [6]. Bu modellerin temel amacı, bireylerin hangi becerilerle başarılı olduklarını ve hangi becerilerde zayıf kaldıklarını belirleyerek, klinik değerlendirmelerde daha hedeflenmiş ve kişiye özel stratejiler geliştirmektir.

BTM'ler, yanıtlama matrisi yapısı, gizli özelliklerin tanımlanması, Q-matrix ve model seçimi gibi unsurlar doğrultusunda geliştirilirken, her bir test maddesinin hangi becerilerle ilişkili olduğunu belirten bir yapı oluşturulur. Q-matrix, bu ilişkileri göstermek için kullanılan kritik bir araçtır. Ayrıca, yanıtların doğruluğunu etkileyebilecek hata türleri, özellikle kayma (slip) ve tahmin (guessing) parametreleri de modele dahil edilir. Bu parametreler, bireylerin gerçek becerilerine rağmen yanlış seçimler yapmalarını modelleyerek, test sonuçlarının daha gerçekçi bir şekilde yorumlanmasını sağlar. Model seçiminde ise, veri yapısı ve araştırma sorusunun gereksinimlerine göre yapılmalı, uygun modelin belirlenmesi kritik öneme sahiptir. Çalışmamızda, yanıtlarda sıralı ilişkilerin dikkate alınması gerektiği için ardışık GDINA modeli tercih edilmiştir [6]. Bu model, özellikle çoklu yanıt kategorileri içeren maddelerde, yanıt kategorileri arasındaki sıralı yapıyı modelleme yeteneğine sahiptir.

Yanıt matrisi: i . ($i: 1, 2, \dots, I$) hastanın j . ($j: 1, 2, \dots, J$) maddeye verdiği ikili/çoklu yanıt X_{ij} ile gösterilir. X matrisinin i . satırı, i . hastanın yanıt desenini temsil etmektedir.

$$X = \begin{bmatrix} X_{11} & \cdots & X_{1J} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ X_{I1} & \cdots & X_{IJ} \end{bmatrix}_{I \times J} \quad (1)$$

Kabul edilebilir gizli sınıflar: Bireylerin sahip olduğu "nitelikler" veya "gizli özellikler", genellikle bir dizi beceri ya da yetenek olarak tanımlanır. Semptom, Aktivite ve Etki gizli niteliklerinin bireyde gözlenmesi durumu 1 iken gözlenmemesi 0 olarak kodlanır.

Q-Matrisi: Maddeler ile nitelikler (örneğin, beceriler veya bilgi alanları) arasındaki ilişkiyi sistematik olarak temsil eden bir matristir.

$$Q - matrix = \begin{bmatrix} q_{11} & \cdots & q_{1K} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ q_{J1} & \cdots & q_{JK} \end{bmatrix}_{J \times K} \quad (2)$$

burada $j: 1, 2, \dots, J$ madde sayısını (ikili yanıt kategorisiyle) ve $k: 1, 2, \dots, K$ nitelik/beceri sayısını ifade etmektedir. Eğer j . madde, k . nitelik/beceriye gerektiriyorsa, Q matrisindeki q_{jk} elemanı 1 olarak kodlanır, aksi takdirde 0 olarak kodlanır. Dereceli yanıtlar için, j . maddenin $H_j + 1$ kategorisi olduğu varsayılır ($0, 1, \dots, H_j$). Eğer j . maddenin kategorisi, k . nitelik/beceriye gerektiriyorsa, Q matrisinde 1 olarak kodlanır, aksi takdirde 0 olarak kodlanır. Her H_j satırı, madde kategorisinin hangi nitelikleri gerektirdiğini belirten K öge içerir. Kategori düzeyindeki Q -matrix, $\sum_{j=1}^J H_j \times K$ düzeyinde ikili matristir.

Kayma (slipping) ve tahmin (guessing) parametreleri: Bir birey, gerekli becerilere sahip olmadığı hâlde doğru cevabı seçebilir (tahmin), ya da gerekli becerilere sahip olmasına rağmen yanlış cevabı seçebilir (kayma). Bu durumlar, psikometrik literatürde sırasıyla kayma ve tahmin parametreleri olarak tanımlanır.

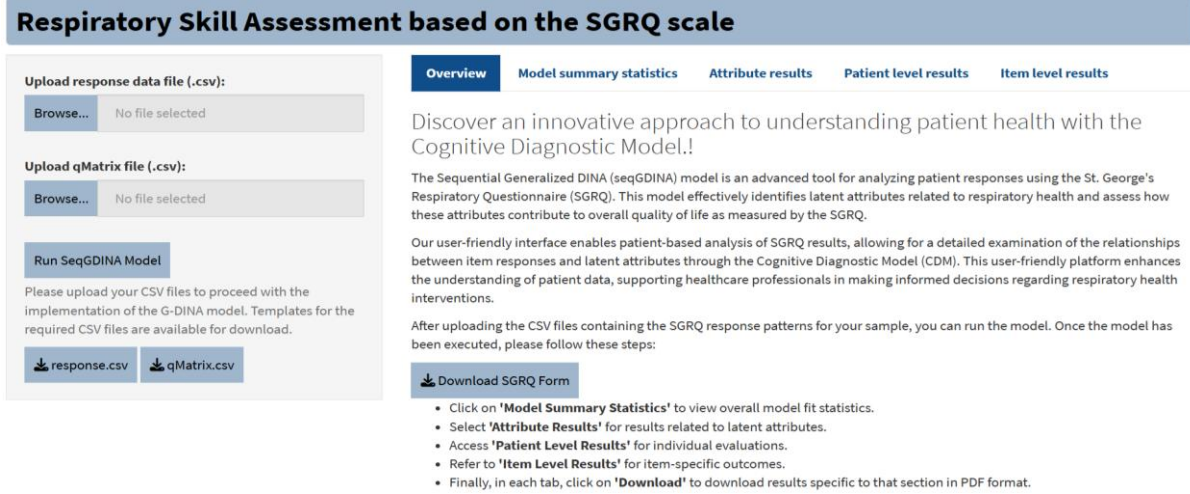
Kullanılan kütüphaneler

Bu etkileşimli web uygulaması, R programlama dilinde [7] shiny paketi kullanılarak oluşturulmuştur. Kullanılan paketler: "GDINA" [8], "DT" [9], "dplyr" [10], "shiny" [11], "shinythemes" [12], "ggplot2" [13], "rsconnect" [14] ve "tidyr" [15]. Arayüze şu link üzerinden erişilebilir: <https://spapp.shinyapps.io/SGRQseqGDINA/>.

Bulgular

Kullanıcılar, arayüz bağlantısına tıkladıklarında veri yükleyebilir ve gerekli şablonları indirerek kendi dosyalarını oluşturup ilgili bölümlere yükleyebilirler (Şekil 1). Veri dosyaları (response.csv ve qMatrix.csv) yüklendikten sonra, 'Run SeqGDINA Model' butonuna tıklayarak modeli çalıştırabilir ve

analiz sonuçlarını alabilirler. Sonuçlar, dört ana başlık altında sunulmakta ve her sayfada 'Download' butonu ile kullanıcıların sonuçları indirmelerine olanak sağlanmaktadır. Kullanıcılar, analiz edilen veriler üzerinde inceleme yaparak her hasta için özgün değerlendirmeler gerçekleştirebilirler. Örnek veri seti ile çıktı ekranları aşağıda tanıtılmaktadır.



Respiratory Skill Assessment based on the SGRQ scale

Upload response data file (.csv):
Browse... No file selected

Upload qMatrix file (.csv):
Browse... No file selected

Run SeqGDINA Model

Please upload your CSV files to proceed with the implementation of the G-DINA model. Templates for the required CSV files are available for download.

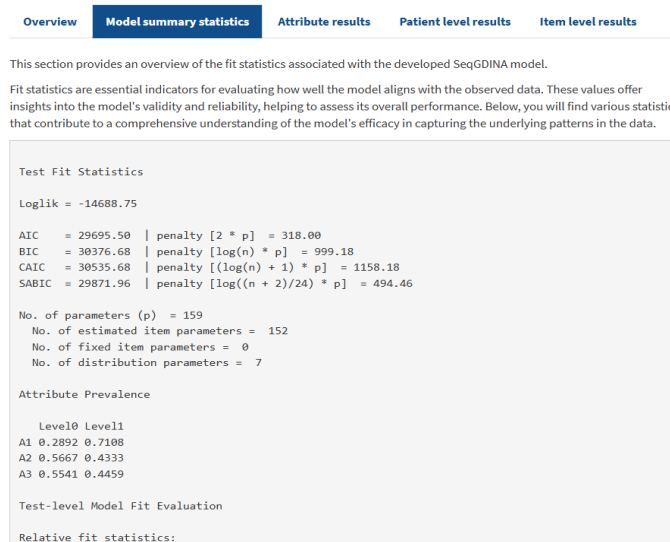
Download SGRQ Form

- Click on 'Model Summary Statistics' to view overall model fit statistics.
- Select 'Attribute Results' for results related to latent attributes.
- Access 'Patient Level Results' for individual evaluations.
- Refer to 'Item Level Results' for item-specific outcomes.
- Finally, in each tab, click on 'Download' to download results specific to that section in PDF format.

Şekil 1. Arayüze erişim linki ve arayüzün ekran görüntüsü

“Model Summary Statistics” ekranı

Uyum istatistikleri, klinik değerlendirme için doğrudan yorumlanabilir veriler olmasa da, farklı veri setlerinde modeller arasındaki uyumu değerlendirirken verinin modele ne kadar uyum sağladığını kıyaslama imkânı sunar. Bu bölümde, özellikle nitelik sıklıklarının olasılıklarının yorumu önemlidir. Level 0 ve Level 1, bir bireyin sağlık durumunu belirleyen semptom, aktivite ve etki seviyelerini ifade eder. Çalışma örneğinde, semptomların belirgin olduğu, ancak aktivite ve etki açısından sağlık durumunun daha iyi olduğu görülmektedir.



Overview **Model summary statistics** Attribute results Patient level results Item level results

This section provides an overview of the fit statistics associated with the developed SeqGDINA model.

Fit statistics are essential indicators for evaluating how well the model aligns with the observed data. These values offer insights into the model's validity and reliability, helping to assess its overall performance. Below, you will find various statistics that contribute to a comprehensive understanding of the model's efficacy in capturing the underlying patterns in the data.

Test Fit Statistics

Loglik = -14688.75

AIC = 29695.50 | penalty [2 * p] = 318.00
BIC = 30376.68 | penalty [log(n) * p] = 999.18
CAIC = 30535.68 | penalty [(log(n) + 1) * p] = 1158.18
SABIC = 29871.96 | penalty [log((n + 2)/24) * p] = 494.46

No. of parameters (p) = 159
No. of estimated item parameters = 152
No. of fixed item parameters = 0
No. of distribution parameters = 7

Attribute Prevalence

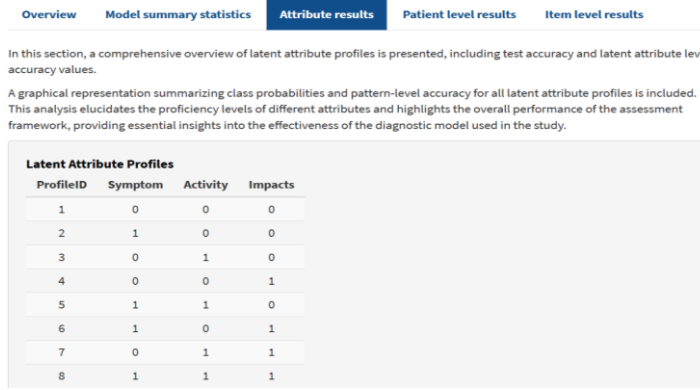
Level0 Level1
A1 0.2892 0.7108
A2 0.5667 0.4333
A3 0.5541 0.4459

Test-level Model Fit Evaluation

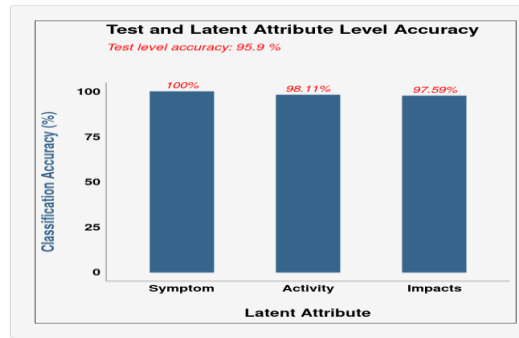
Relative fit statistics:

“Attribute Results” ekranı

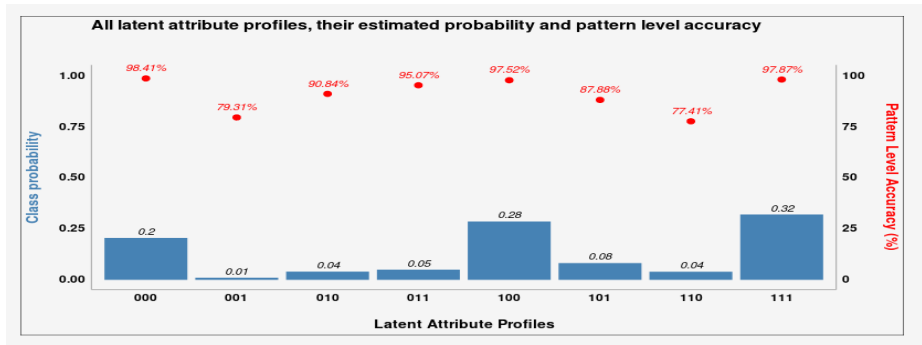
Bu sekmede, gizli sınıf kategorileri ve bu kategorilere ait ilişkili olasılıklar sunulmaktadır. Burada 8 olası sınıf kategorisi yer almaktadır. Örneğin, bir hasta semptom, aktivite ve etki açısından sorun yaşamıyorsa, bu hastanın 1. profile sahip olduğu değerlendirilir.



Bu bölüme eklenen bir diğer önemli çıktı, modelin performansını değerlendirirken kullanıcıya bilgi sağlayan test ve nitelik düzeyinde doğruluk oranlarıdır. Grafiğe göre, semptomların tanımlanmasında modelin mükemmel bir performans sergilediği görülmektedir.



Bir diğer grafikte, her bir gizli özellik profili (sınıf) için tahmin edilen olasılıklar ve doğruluk oranları sunulmaktadır. Bu grafik, sınıf tahmin olasılıkları, örneklerdeki bireylerin belirli bir sınıfa ait olma olasılığını gösterir. Örneğin; örneklerdeki bireylerin %32'sinin tüm gizli özellikleri taşıyan bir profile sahip olduğu gözlemlenmiştir. Profil seviyesinde doğruluk ise, her bir gizli sınıfın tanımlanmasında modelin doğruluk oranını ifade eder.



“Patient Level Results” ekranı

Her bir hastanın semptom, aktivite ve etki işlevsel becerilerine ait marjinal olasılıkları ve toplam skorları bulunmaktadır. Örneğin, 1. hastanın semptom, aktivite ve etkide sorun yaşamadığı, 2. hastanın ise semptomda problem yaşadığı gözlemlenebilir. Bu bölümde, uzmanlar, tanı modeline ait olasılıkların yanı sıra, literatürde belirtilen ham skorları da görüntüleyebilirler. Toplam skorların farklılık

göstermesinin nedeni, BTM modelinin nitelikler/beceriler ile maddeler arasındaki ilişkiyi dikkate almasıdır. Ayrıca, uzmanlar, belirli bir hasta için modelin sağladığı olasılıkları inceleyebileceği gibi, tüm hastaların sonuçlarını da bilgisayarlarına indirebilirler.

Overview Model summary statistics Attribute results **Patient level results** Item level results

In this section, the marginal mastery probabilities determined by the model results for each patient are presented. These values indicate the extent to which each patient has mastered a specific competency. Additionally, graphical representations of these probabilities for one or more selected patients are provided. These graphs facilitate a better understanding and comparison of mastery probabilities at the patient level.

Marginal Mastery Probability and Raw Total Score

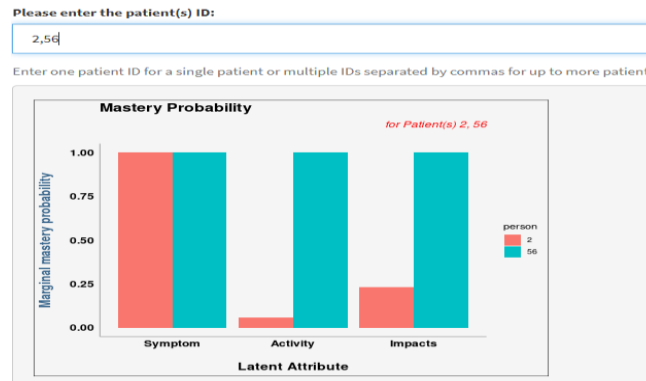
Search: Show 10 entries

ID	Symptom	Activity	Impacts	Symptom_Score	Activity_Score	Impact_Score
1	0.000	0.000	0.000	37.8	29.82	23.5
2	1.000	0.060	0.234	79.53	53.53	36.05
3	1.000	1.000	1.000	100	100	47.24
4	0.000	0.000	0.000	32.51	35.6	9.55
5	1.000	0.007	0.000	75.2	61.28	28.4
6	1.000	0.991	0.994	77.77	74.82	41.85
7	1.000	0.995	1.000	88.24	74.77	46.94
8	1.000	1.000	1.000	97.48	87.16	53.78
9	1.000	0.996	0.016	82.29	72.82	26.92
10	1.000	1.000	1.000	84.26	92.51	47.89

Showing 1 to 10 of 536 entries Previous 1 2 3 4 5 ... 54 Next

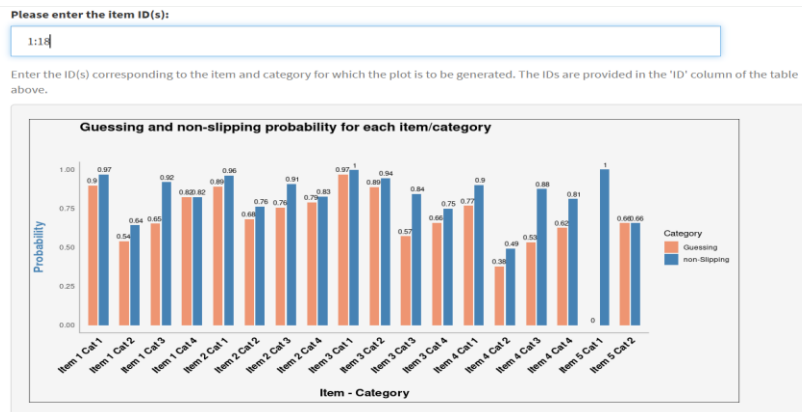
[Download Patient Results](#)

Bu sekmede, ilgili olasılıklar görselleştirilmiş olup, aynı anda birden fazla hastanın sonuçları karşılaştırılabilmektedir.



"Item Level Results" ekranı

Bu bölümde, her bir madde ve kategori için parametre tahminleri sunulmaktadır. Kullanıcılar, boyutların hangi maddelerinde ve yanıt kategorilerinde ayırt ediciliğin daha yüksek ya da düşük olduğunu değerlendirilebilirler. Sunulan grafik, her bir maddeye ait tahminlerin görselleştirilmesine imkânı sağlar.



Sonuç ve Tartışma

Klinik uygulamalarda, sağlık profesyonellerinin daha derinlemesine bir değerlendirme yapabilmesi ve kişiye özel bakım stratejileri geliştirebilmesi için hastaların bilişsel süreçlerine odaklanmak önemlidir. BTM kullanımı, hastaların genel sağlık durumunu daha ayrıntılı bir şekilde anlamayı sağlar [5]. BTM' ler, bireylerin bilişsel yeteneklerini ya da becerilerini anlamamıza yardımcı olur ve solunum sağlığı gibi karmaşık sağlık yapılarını değerlendirme konusunda önemli bir potansiyele sahiptir.

Bu çalışma, BTM' nin sağlıkla ilgili yaşam kalitesini değerlendirme alanındaki etkinliğini göstermektedir. Eğitim alanında yaygın olarak kullanılan bu modellerin sağlık alanındaki uygulamaları sınırlıdır [5,16] ve bu çalışma, bu alandaki yenilikçi bir yaklaşımı temsil etmektedir. Geliştirilen web tabanlı platform, SGRQ maddelerinin gizli yetkinliklerle ilişkilerini analiz ederek, KOAH hastalarının yaşam kalitesine dair daha hassas ve detaylı bilgiler sunmaktadır. Modelin çıktılarında elde edilen yüksek doğruluk oranına sahip sınıflar, klinisyenlere güvenilir bilgiler sağlayarak tedavi tahminlerinin doğruluğunu artırmaktadır. Ayrıca, gizli sınıf oranlarının yorumlanması, tedavi planlamasında belirleyici bir rol oynamakta ve belirli bir profil oranının yüksek olduğu durumlarda, o yönde tedavi geliştirme ihtiyacını vurgulamaktadır.

Arayüz, madde bazında sonuçlar sunarak hem maddelerin iyileştirilmesi gereken noktalarına işaret etmekte hem de hasta bazında hangi profillerde hangi maddelerin gözlenmesinin daha olası olduğunu ortaya koymaktadır. Bu yönüyle BTM, klinik verilerdeki karmaşık ve çok boyutlu yapıları analiz etmek için etkili bir yöntem sunmaktadır. Sağlık profesyonelleri, bu platform sayesinde hastaların semptomlarını daha ayrıntılı bir şekilde analiz edebilir, kişiye özel bakım stratejileri geliştirebilir ve sağlık hizmetlerini optimize edebilir.

Sonuç olarak, bu yenilikçi yaklaşım, kişiselleştirilmiş sağlık hizmetlerinin geliştirilmesine önemli katkılar sağlayarak sağlık değerlendirme süreçlerini daha etkin hale getirmektedir. Eğitimde yaygın olarak kullanılan BTM' lerin sağlık alanındaki uygulamaları, bu çalışma ile önemli bir boşluğu doldurmakta ve sağlık profesyonelleri ile araştırmacılar için değerli bir kaynak oluşturmaktadır. Gelecekte, bu platformun daha kapsamlı yazılımlar haline getirilerek farklı ölçeklerde ve sağlık alanlarında uygulanabilir hale gelmesi planlanmaktadır. Bu tür bir araç, sağlık profesyonelleri ve araştırmacılar için önemli bir kaynak olmaya devam edecektir.

Kaynaklar

- [1] Patrick, D. L., & Erickson, P. (1993). *Health Status and Health Policy: Quality of Life in Health Care Evaluation and Resource Allocation*. Oxford University Press.
- [2] Jones, P.W., Quirk, F.H., & Baveystock, C.M. (1991). The St George's Respiratory Questionnaire. *Respiratory Medicine*, 85(Supp B), 25-31.
- [3] Polatlı, M., Yorgancıoğlu, A., Aydemir, Ö., Yılmaz Demirci, N., Kırkıl, G., Atış Naycı, S., ..., & Günakan, G. (2013). Validity and reliability of Turkish version of St. George's respiratory questionnaire. *Tuberk Toraks*, 61(2), 81-87.
- [4] De la Torre, J., & Minchen, N. (2014). Cognitively diagnostic assessments and the cognitive diagnosis model framework. *Psicologia Educativa*, 20(2), 89-97.
- [5] De la Torre, J., Van der Ark, L.A., & Rossi, G. (2018). Analysis of clinical data from a cognitive diagnosis modeling framework. *Measurement and Evaluation in Counseling and Development*, 51:4, 281-296.
- [6] Ma, W., & de la Torre, J. (2016). A sequential cognitive diagnosis model for polytomous responses. *British Journal of Mathematical and Statistical Psychology*, 69(3), 253-275.

- [7] R Core Team (2024). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, R Statistical software Version 4.4.1 (2024-06-14 ucrt), <https://www.r-project.org/>
- [8] Ma, W., de la Torre, J. (2020). GDINA: An R Package for Cognitive Diagnosis Modeling. *Journal of Statistical Software*, 93(14), 1-26.
- [9] Xie Y, Cheng J, & Tan X (2024). DT: A Wrapper of the JavaScript Library 'DataTables'. Version 0.33. <https://CRAN.R-project.org/package=DT>
- [10] Wickham H, Francois R, Henry L, Muller K, Vaughan D (2023). dplyr: A Grammar of Data Manipulation. Version 1.1.4. <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr>
- [11] Chang, W., Cheng, J., Allaire, J., Sievert, C., Schloerke, B., Xie, Y., ...& Borges, B. (2024). shiny: Web Application Framework for R. Version 1.10.0. <https://CRAN.R-project.org/package=shiny>
- [12] Chang, W. (2022). shinythemes: Themes for Shiny. Version 1.2.0. <https://CRAN.R-project.org/package=shinythemes>
- [13] H. Wickham. (2016). ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer-Verlag New York, Version 3.5.1. <https://ggplot2.tidyverse.org>
- [14] Atkins, A., Allen, T., Wickham, H., McPherson, J., Allaire, J. (2024). rsconnect: Deploy Docs, Apps, and APIs to 'Posit Connect', 'shinyapps.io', and 'RPubs'. Version 1.3.3. <https://CRAN.R-project.org/package=rsconnect>
- [15] Wickham H, Vaughan D, Girlich M (2024). tidyr: Tidy Messy Data. Version 1.3.1. <https://CRAN.R-project.org/package=tidyr>
- [16] Templin, J.L., & Henson, R.A. (2006). Measurement of psychological disorders using cognitive diagnosis models. *Psychological methods*, 11(3), 287-305.

**KISA SÖZLÜ BİLDİRİLER
(POSTER)**

PB1

Tıbbi Görüntü Analizinde Derin Öğrenme Modellerinin Mamografi Görüntüleri Üzerinde Performanslarının Karşılaştırması

Jale Karakaya^{1*}, Büşra Kurt¹, Hanife Avcı¹

¹ Hacettepe Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 06230, Ankara, Türkiye

* Jale Karakaya: jalek@hacettepe.edu.tr

Amaç: Bu çalışmanın amacı, meme kanseri tespitinde üç farklı evrişimli sinir ağı modelinin (ChexNet, DenseNet121 ve DenseNet201) performanslarını karşılaştırmaktır. Literatürde yapılan çalışmalar, derin öğrenme tabanlı evrişimli sinir ağlarının (CNN) tıbbi görüntüleme alanında yüksek doğruluk ve güvenilirlik sağladığını göstermektedir. Özellikle, meme kanseri tespiti için başka veri setleri üzerine yapılan çalışmalar, CNN modellerinin farklı mimari yapıları ile başarılı sonuçlar elde edildiğini ortaya koymuştur. Bu çalışma, önceki araştırmalara dayanarak ChexNet, DenseNet121, DenseNet201 modellerinin performanslarını karşılaştırarak mevcut yaklaşımları genişletmeyi amaçlamaktadır.

Yöntem: Çalışmada açık erişimli bir veri tabanından elde edilen mamografi görüntüleri kullanılarak üç CNN modeli eğitilecektir. CNN modellerinin mamografi görüntülerini normal ve anormal (iyi huylu ve kötü huylu) olarak sınıflandırma performansları doğruluk, duyarlılık, seçicilik ve AUC gibi performans metrikleri ile değerlendirilecektir.

Bulgular: Mamografi görüntüleri üzerinde ChexNet, Densenet121, DenseNet201 modellerinin performansları elde edilecektir. Daha sonra elde edilen sonuçlar literatürdeki CNN modellerinin performansları ile karşılaştırılacaktır.

Sonuç ve Tartışma: Çalışma tıbbi görüntüleme alanında derin öğrenme modellerinin potansiyelini vurgulayarak gelecekteki araştırmalar için bir temel oluşturacaktır.

Anahtar Kelimeler: Mamografi, Derin öğrenme, Evrişimsel sinir ağları, Sınıflandırma.

Kaynaklar

- [1] Ribli, D., Horváth, A., Unger, Z., Pollner, P., & Csabai, I. (2018). Detecting and classifying lesions in mammograms with deep learning. *Scientific Reports*, 8(1), 1-7.
- [2] Arevalo, J., Gonzalez, F. A., Ramos-Pollan, R., Oliveira, J. L., & Lopez, M. A. (2016). Representation learning for mammography mass lesion classification with convolutional neural networks. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, (127), 248-257.
- [3] Levy, D., & Jain, A. (2016). Breast mass classification from mammograms using deep convolutional neural networks, *Computer Vision and Pattern Recognition*, 2016, 1-6.

PB2

Klinik Uygulamalarda Bağlantı Analizi ve Ağ Grafikleri: Veri Setlerinde Örtülü İlişkilerin Aydınlatılması

Damla Hazal SUCU*, Bahar TAŞDELEN

Mersin Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik ve Tıbbi Bilişim Anabilim Dalı, 33343, Mersin, Türkiye

* Sorumlu yazar: dmlhzl5@gmail.com

Amaç: Bu çalışma, tıpta bağlantı analizi ve ağ grafiklerinin kullanımını ve bu yöntemlerin hastalıkların teşhisinde ve yönetiminde sağladığı avantajları vurgulamayı amaçlamaktadır. Bağlantı analizi, değişkenler arasındaki ilişkileri görselleştirerek, karmaşık etkileşimleri ortaya çıkarmada önemli bir rol oynamaktadır.

Yöntem: Bağlantı analizi, verilerin grafiksel temsili yoluyla hastalıkların etiyolojisinin daha iyi anlaşılmasına olanak tanır. Ağ grafikleri, düğümler (değişkenler) ve kenarlar (ilişkiler) aracılığıyla, belirli hastalıklar ve belirtiler arasındaki korelasyonları görselleştirir. Bu yöntem, hastaların tetikleyici faktörleri ve tedavi yöntemleri arasındaki bağlantıları belirlemek için kullanılabilir. Ayrıca belirli bir hastalıkta, komplikasyonların ve eşlik eden hastalıkların ilişkisini aydınlatmak için de etkili bir araçtır.

Bulgular: Bağlantı analizi ve ağ grafikleri, sağlık verilerinin analizi sırasında önemli bilgiler sunmaktadır. Örneğin, migren, ilaç aşırı kullanım baş ağrısı ve irritabl bağırsak sendromu arasındaki tetikleyici ve kaçınılması gereken yiyeceklerin arasındaki ilişkinin ortaya konmasında link analizi ile oldukça çarpıcı sonuçlar bulunmuştur. İkinci çalışmamızda, kadın ve erkek migren hastaları arasında tedavi yöntemleri ve tetikleyiciler arasındaki farklılıkları belirlemek için cinsiyete dayalı ağ grafikleri oluşturulmuş ve bu durumun migren yönetiminde cinsiyet farklılıklarını gözler önüne serdiği gösterilmiştir. Üçüncü çalışmamızda, Pankreas ekzokrin yetmezliği olan hastalar arasındaki semptomların varlığı ağ grafikleri kullanılarak net bir şekilde ortaya konmuştur. Ve bir başka çalışmamızda migren hastalarında uyarıcı semptomların, işgörmezlik, kognitif fonksiyonlar ve yaşam kalitesi ile ilişkisi link analizi ile gösterilmiştir.

Sonuç ve Tartışma: Bağlantı analizi ve ağ grafikleri, tıpta karmaşık ilişkilerin ve etkileşimlerin anlaşılmasında oldukça başarılıdır. Bu yöntemler, hastalıkların teşhisinde ve tedavisinde daha hedeflenmiş yaklaşımların geliştirilmesine katkıda bulunur. Ayrıca, kişiselleştirilmiş tedavi planlarının oluşturulmasında önemli bir araç haline gelmektedir. Böylece, tıpta daha etkili ve yenilikçi çözümler üretilmesine zemin hazırlar.

Anahtar Kelimeler: Bağlantı analizi, Ağ grafikleri, Korelasyon

PB3

Beslenme Alışkanlıklarının Zaman İçindeki Değişimi: NHANES Verilerine Dayalı Bir Analiz

Serhat Erdem

Istanbul Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi, İstanbul
erdemserhat1994@gmail.com

Amaç: Diyabet, dünya genelinde hızla artan bir halk sağlığı sorunu olup, 2021 yılı itibarıyla 500 milyondan fazla insanı etkilemektedir (1). Diyabetin başlıca risk faktörleri arasında genetik yatkınlık, yaş, obezite ve özellikle beslenme alışkanlıkları bulunmaktadır (2). NHANES (National Health and Nutrition Examination Survey), Amerika Birleşik Devletleri genelinde beslenme alışkanlıkları, biyokimyasal veriler ve sağlık durumunu izleyen bir araştırmadır. Bu çalışma, NHANES'in 2007-2008, 2011-2012 ve 2017-2018 yıllarında elde edilen verilerle, beslenme alışkanlıklarının zaman içindeki değişimini ve bu değişikliklerin diyabet prevalansı üzerindeki etkisini analiz etmektedir.

Bu analizin amacı, NHANES verilerini kullanarak 2007-2018 yılları arasında beslenme alışkanlıklarının nasıl değiştiğini ve bu değişikliklerin diyabet prevalansı üzerindeki etkilerini incelemektir. Özellikle karbonhidrat, şeker, yağ ve lif alımındaki eğilimler ve bu besinlerin diyabet prevalansı ile olan ilişkisi değerlendirilecektir. Zaman içindeki eğilimleri göz önünde bulundurarak, halk sağlığı müdahalelerine dair önemli bulgular sunulacaktır.

Yöntem: NHANES 2007-2008, 2011-2012 ve 2017-2018 yıllarında elde edilen verilerle gerçekleştirilmiştir. NHANES, ABD'nin genel popülasyonunu temsil eden çapraz kesitli bir çalışma olup, katılımcılardan biyokimyasal veriler, diyet alışkanlıkları, demografik vb. bilgiler toplamaktadır.

Kullanılan Veri Setleri:

Diyet Verileri: 24 saatlik diyet hatırlama verileri, karbonhidrat, şeker, yağ ve lif alımlarını içermektedir.

Biyokimya Verileri: Açlık plazma glukoz seviyeleri ve HbA1c seviyeleri, diyabet teşhisi için kullanılmıştır (3).

Demografik Veriler: Yaş, cinsiyet, etnik köken ve sosyoekonomik durum bilgilerini içermektedir.

Veri setleri birleştirilmiş ve analizlerde 24 saatlik diyet hatırlama verileri (karbonhidrat, şeker, yağ ve lif alımı) bağımsız değişkenler olarak kullanılmıştır. Diyabet teşhisi bağımlı değişken olarak kullanılmıştır ($HbA1c \geq \%6.5$ veya açlık glukozu ≥ 126 mg/dL). Lojistik regresyon modeli ve zaman serisi analizi kullanılarak, beslenme alışkanlıklarının yıllar içindeki değişimi ve diyabet riski üzerindeki etkisi incelenmiştir.

Bulgular: 2007-2008 dönemine kıyasla, 2017-2018 yıllarında karbonhidrat ve şeker tüketiminde %12'lik bir artış gözlemlenmiştir. Şeker tüketimindeki bu artışın özellikle işlenmiş gıdaların ve şekerli içeceklerin tüketimiyle bağlantılı olduğu düşünülmektedir (4).

Diyabet prevalansı ile karbonhidrat ve şeker tüketimi arasında pozitif bir ilişki bulunmuştur. Şeker tüketimi arttıkça diyabet prevalansında da artış gözlemlenmiştir ($p < 0.01$) (5). Şeker ve rafine karbonhidratlar, insülin direncine yol açarak uzun vadede diyabet riskini artırmaktadır.

Doymuş yağ tüketimi 2007-2012 yılları arasında sabit kalmış ancak 2017-2018 döneminde %8'lik bir düşüş yaşanmıştır. Bu durum, doymuş yağların sağlık üzerindeki olumsuz etkilerine dair artan farkındalığın bir sonucu olarak değerlendirilebilir (6).

Doymuş yağ tüketiminin yüksek olduğu katılımcılarda diyabet prevalansının daha yüksek olduğu görülmüştür ($p < 0.05$). Doymuş yağlar, hücresel düzeyde insülin duyarlılığını azaltarak glukoz metabolizmasını olumsuz etkileyebilir (7).

Lif tüketiminde hafif bir artış gözlemlenmiştir. 2017-2018 döneminde katılımcıların lif alımında %10'luk bir artış görülmüş ve bu artışın, sağlıklı beslenme kampanyaları ile bağlantılı olduğu düşünülmektedir.

Yüksek lif alımı, diyabet riskini önemli ölçüde azaltan bir faktör olarak bulunmuştur ($p < 0.001$). Lif, glukoz emilimini yavaşlatarak kan şekeri dengede tutar ve insülin duyarlılığını artırır (8).

Diyabet prevalansı 2007-2008 dönemine kıyasla 2017-2018 döneminde %18 oranında artış göstermiştir. Bu artışın, şeker tüketimi ile ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Özellikle şekerli içecek tüketiminin artması, diyabet gelişiminde kritik bir faktör olarak öne çıkmıştır (9).

Sonuç ve Tartışma: Bu çalışma, 2007-2018 yılları arasında beslenme alışkanlıklarındaki değişimlerin diyabet prevalansı üzerindeki etkilerini kapsamlı bir şekilde incelemiştir. Bulgular, karbonhidrat ve şeker tüketimindeki artışın diyabet riskini artırdığını ve lif tüketiminin diyabet gelişimini önleyici bir rol oynadığını göstermektedir.

Diyabet prevalansındaki artış, özellikle işlenmiş şekerli gıdalar ve içeceklerin yaygınlaşması ile yakından ilişkilidir. Bu sonuçlar, şekerli içeceklerin azaltılması gerektiğini savunan halk sağlığı politikalarının önemini desteklemektedir. Özellikle çocuklar ve gençler arasında şeker tüketiminin artması, uzun vadede daha fazla diyabet vakası ile sonuçlanabilir (10).

Doymuş yağların tüketimindeki azalmanın diyabet prevalansı üzerindeki olumlu etkileri gözlemlenmiştir. Doymuş yağlar, insülin direncini artırarak glukoz metabolizmasını bozabilir. Bu durum, doymuş yağların yerine bitkisel yağlar veya çoklu doymamış yağların tercih edilmesinin halk sağlığı için önemli olduğunu vurgulamaktadır (11).

Lif tüketimindeki artışın, diyabet riskini azaltma üzerindeki etkisi belirgin olarak görülmüştür. Lif, hem glukoz metabolizmasını düzenler hem de tokluk hissini artırarak aşırı gıda tüketimini engeller. Bu bulgular, lif açısından zengin diyetlerin teşvik edilmesinin diyabeti önlemede önemli bir rol oynayabileceğini göstermektedir (12).

Bu çalışma çapraz kesitli NHANES verilerine dayandığından, nedensel çıkarımlar sınırlıdır. Ayrıca, öz bildirim dayalı beslenme verileri yanlışlık içerebilir. Gelecekte yapılacak uzunlamasına çalışmalar, bu ilişkilerin zaman içerisindeki değişimini daha ayrıntılı şekilde araştırabilir.

Bu çalışmada, NHANES 2007-2008, 2011-2012 ve 2017-2018 döngüleri kullanılarak beslenme alışkanlıklarındaki değişimlerin diyabet prevalansı üzerindeki etkileri analiz edilmiştir. Karbonhidrat ve şeker tüketiminde görülen artış, diyabet riskinin artmasına neden olurken, lif alımındaki artış bu riski azaltmıştır. Halk sağlığı stratejileri, özellikle işlenmiş gıdalar ve şekerli içeceklerin tüketimini azaltmaya yönelik politikalar geliştirmelidir. Lif açısından zengin diyetlerin teşvik edilmesi, diyabetin önlenmesinde önemli bir adım olabilir.

Anahtar Kelimeler: Diyabet, beslenme alışkanlıkları, lojistik regresyon, zaman serisi.

Kaynaklar

[1] World Health Organization. (2021). Diabetes facts and figures. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/diabetes>

- [2] American Diabetes Association. (2020). Standards of medical care in diabetes—2020. *Diabetes Care*, 43(Supplement 1), S1–S212.
- [3] Centers for Disease Control and Prevention (CDC). (2007). *National health and nutrition examination survey (NHANES) 2007-2008 data documentation, codebook, and frequencies*. <https://wwwn.cdc.gov/nchs/nhanes/continuousnhanes/default.aspx?BeginYear=2007>
- [4] Centers for Disease Control and Prevention (CDC). (2011). *National health and nutrition examination survey (NHANES) 2011-2012 data documentation, codebook, and frequencies*. <https://wwwn.cdc.gov/nchs/nhanes/continuousnhanes/default.aspx?BeginYear=2011>
- [5] Ludwig, D. S. (2021). Saturated fats and insulin resistance: How dietary fats impact glucose metabolism. *Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism*, 106(1), 24–33.
- [6] Slavin, J. L. (2019). Dietary fiber and type 2 diabetes: A comprehensive review. *Nutrition Journal*, 8(20).
- [7] Anderson, J. W., Baird, P., Davis, R. H., Ferreri, S., Knudtson, M., Koraym, A., Waters, V., & Williams, C. L. (2009). Health benefits of dietary fiber. *Nutrition Reviews*, 67(4), 188–205.
- [8] Hu, F. B., Manson, J. E., & Willett, W. C. (2019). Diet and risk of type 2 diabetes: The role of types of fat and carbohydrate. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 97(3), 569–576.
- [9] Malik, V. S., Popkin, B. M., Bray, G. A., Després, J. P., Hu, F. B. (2010). Sugar-sweetened beverages, obesity, type 2 diabetes and cardiovascular disease risk. *Circulation*, 121(11), 1356–1364.
- [10] Willett, W. C., Manson, J. E., & Liu, S. (2002). The role of dietary fiber in preventing and treating diabetes. *Diabetes Care*, 25(7), 1451–1456.
- [11] Mozaffarian, D., Katan, M. B., Ascherio, A., Stampfer, M. J., & Willett, W. C. (2016). Effects of dietary fats on insulin sensitivity and the risk of type 2 diabetes. *The Lancet Diabetes & Endocrinology*, 4(1), 15–24.
- [12] Reynolds, A., Mann, J., Cummings, J., Winter, N., Mete, E., & Te Morenga, L. (2019). Carbohydrate quality and human health: A series of systematic reviews and meta-analyses. *The Lancet*, 393(10170), 434–445.

PB4

RNA Modifikasyonlarının Biyoinformatik Analizi: Motif Keşfi ve Sınıf Tahmini

Kevser Kübra Kırboğa

Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Biyomühendislik Anabilim Dalı, Bilecik, 11100, Türkiye
kubra.kirboga@bilecik.edu.tr

Amaç: Bu çalışmanın temel amacı, farklı RNA modifikasyonlarının motiflerini ve bu motiflerin biyolojik işlevlerini detaylı bir şekilde incelemektir. Özellikle, m6A, m1A, m5C, m6Am, m7G ve Ψ (Pseudouridine) gibi RNA modifikasyonları için karakteristik motiflerin belirlenmesi, bu motiflerin biyolojik sistemlerde nasıl işlev gördüğünü anlamaya katkı sağlamayı hedeflemektedir. RNA modifikasyonları, gen ekspresyonunun düzenlenmesi, RNA stabilitesinin korunması ve hücresel yanıtların modülasyonunda önemli roller oynar [1]. Bu çalışmada, büyük ölçekli biyoinformatik analizlerle, farklı modifikasyon sınıflarındaki motiflerin, baz kompozisyonlarının, sıklıklarının ve düzenlerinin analizi yapılmıştır. Motif keşfi ile elde edilen veriler, RNA'nın yapısal ve işlevsel düzenlemelerinde kritik rol oynayabilecek bölgeleri tanımlayarak, modifikasyonların transkripsiyonel regülasyon, RNA-protein etkileşimleri ve RNA'nın yapısal stabilitesi gibi biyolojik süreçlerdeki olası etkilerini aydınlatmayı amaçlamaktadır. Bu bulguların, RNA temelli hastalıkların moleküler mekanizmalarının anlaşılmasına ve potansiyel terapötik hedeflerin belirlenmesine katkı sağlayacağı öngörülmektedir.

Yöntem: Çalışmada, RNA modifikasyon sınıflarının motiflerini ve trinükleotid frekans dağılımlarını incelemek için biyoinformatik analizler uygulanmıştır. Veriler, m6A Atlas [2, 3] veri tabanından elde edilen insan kaynaklı RNA modifikasyonlarına ait nükleotid dizilerinden oluşmaktadır. Motif keşfi için MEME Suite [4] kullanılmış ve RNA dizilerinde sık tekrar eden biyolojik olarak anlamlı motifler belirlenmiştir. Trinükleotid frekansları AAA, AAC, AAG, AAT, ACA ve ACT gibi trinükleotidlerin her bir modifikasyon sınıfında analiz edilmiştir. RNA modifikasyonlarının tahmini ve sınıflandırılması için, TF-IDF [5] kullanılarak karakter düzeyinde n-gram özellikleri çıkarılmış ve ardından 7 çeşitli ML algoritmaları ile sınıflandırılmıştır. Modellerin performansları doğruluk, F1 skoru, hassasiyet, özgüllük ve ROC-AUC metrikleri ile değerlendirilmiştir. Hiperparametre optimizasyonu ve çapraz doğrulama ile en iyi modeller belirlenmiştir. Ayrıca, sınıflandırma modelleri için öznelik önemini anlamak amacıyla Gradient Boosting modeli ile özellik önemi analiz edilmiştir.

Bulgular: Motif ve trinükleotid frekans analizleri, RNA modifikasyonlarının biyolojik işlevlerini anlamada önemli bulgular sunmuştur. MEME Suite analizi üç önemli motif tespit etmiştir: (1) "AATCCCAGCWMYTTGGGAGGC" motifinin transkripsiyonel regülasyonla ilişkili olabileceği; (2) "WWWAADRRACWWWRAAAARAVAWWDWD" motifinin DNA yapı stabilizasyonunda rol oynayabileceği; (3) "GGSSSSSYGGSSGSGSGGC" motifinin protein-DNA etkileşimlerinde etkili olabileceği öne sürülmüştür. Trinükleotid frekansları açısından, m6A sınıfında AAA ve ACA trinükleotidlerinin yüksek frekansı, m7G sınıfında ise AAG trinükleotidinin belirgin bir artış göstermesi önemli bulunmuştur. ML modelleriyle yapılan sınıflandırmalarda, Gradient Boosting algoritması 0.7884 test doğruluğu ve 0.8308 ROC AUC skoru ile en iyi performansı göstermiştir. KNN ve Random Forest modelleri de başarılı sonuçlar elde ederken, Logistic Regression, SVM, Decision Tree ve Naive Bayes gibi diğer modeller nispeten daha düşük performans sergilemiştir. Ayrıca, Gradient Boosting modelinde öznelik önemine göre GAC, AAC, ACT ve ACA özneliklerinin sınıflandırma üzerinde en yüksek etkiye sahip olduğu belirlenmiştir. Bu özellikler, RNA modifikasyonlarının farklı biyolojik işlevlerde kritik roller oynayabileceğini göstermektedir.

Sonuç ve Tartışma: Bu çalışmanın en önemli sonucu, RNA modifikasyonları arasındaki motif ve trinükleotid frekanslarının biyolojik olarak anlamlı farklılıklar gösterdiğini ve özellikle m6A ve m7G modifikasyonlarının özgün biyolojik roller oynayabileceğini ortaya koymasındır. Tespit edilen motiflerin ve trinükleotidlerin frekansları, RNA'nın yapısal stabilitesi ve gen ekspresyonu gibi biyolojik süreçlerde önemli roller üstlenebileceğini göstermektedir. Bu bulgular, RNA modifikasyonlarının epitranskriptomik düzenleme ve hücrel mekanizmalarda kritik düzenleyici unsurlar olduğunu doğrulamakta ve RNA temelli hastalıkların moleküler mekanizmalarını anlamada yeni yaklaşımlar sunmaktadır. Özellikle m6A modifikasyonundaki AAA ve ACA trinükleotidlerinin yüksek frekansı, RNA'nın fonksiyonel çeşitliliğini artırarak potansiyel tedavi hedefleri için yeni araştırma yolları açabilir.

Anahtar Kelimeler: RNA Modifikasyonu, Motif Analizi, Trinükleotid Frekans Dağılımı, Epitranskriptomik Düzenleme, Makine öğrenimi.

Kaynaklar

- [1] S. Delaunay, M. Helm, and M. Frye, "RNA modifications in physiology and disease: towards clinical applications," *Nature Reviews Genetics*, vol. 25, no. 2, pp. 104-122, 2024/02/01 2024, doi: 10.1038/s41576-023-00645-2.
- [2] Y. Tang *et al.*, "m6A-Atlas: a comprehensive knowledgebase for unraveling the N6-methyladenosine (m6A) epitranscriptome," *Nucleic Acids Res.*, vol. 49, no. D1, pp. D134-D143, 2020, doi: 10.1093/nar/gkaa692.
- [3] Z. Liang *et al.*, "m6A-Atlas v2.0: updated resources for unraveling the N6-methyladenosine (m6A) epitranscriptome among multiple species," *Nucleic Acids Res.*, vol. 52, no. D1, pp. D194-D202, 2023, doi: 10.1093/nar/gkad691.
- [4] T. L. Bailey *et al.*, "MEME Suite: tools for motif discovery and searching," *Nucleic Acids Res.*, vol. 37, no. suppl_2, pp. W202-W208, 2009, doi: 10.1093/nar/gkp335.
- [5] "TF-IDF," in *Encyclopedia of Machine Learning*, C. Sammut and G. I. Webb Eds. Boston, MA: Springer US, 2010, pp. 986-987.

