

Antibiyotiklerin Akılcı Kullanımında

Yapay Zeka Yardımcı Olabilir mi?

Dr. Selma İlkay Şahin
Taksim EAH

TÜRKİYE
EKMUD

2006

TÜRKİYE ENFEKSİYON HASTALIKLARI VE KLİNİK MİKROBİYOLOJİ UZMANLIK DERNEĞİ



SUNUM AKIŞI

- YAPAY ZEKA NEDİR?
- YAPAY ZEKANIN KULLANIM ALANLARI
- YAPAY ZEKA VE SURVEYANS
- YAPAY ZEKA VE BAKTERİ TANIMLAMA/ ANTİBİYOTİK DİRENCİ
- KARAR DESTEK SİSTEMLERİ VE YAPAY ZEKANIN ETKİSİ
- AKILCI ANTİBİYOTİK KULLANIMINDA YAPAY ZEKA
- YAPAY ZEKANIN ANTİBİYOTİK GELİŞTİRMEDE KULLANIMI
- SORUNLAR VE ENGELLER

Küresel Sağlık Tehdidi: Antimikrobiyal Direnç

1.27M

Yıllık Ölüm

Antimikrobiyal direnç nedeniyle
her yıl doğrudan ölüm sayısı

10M

2050 Projeksiyonu

Acil önlemler alınmazsa 2050'de
beklenen yıllık ölüm sayısı

\$100T

Ekonomik Yük

2050 yılına kadar dünya
genelinde öngörülen toplam
ekonomik maliyet

Uygunsuz Antibiyotik Kullanımının Boyutu

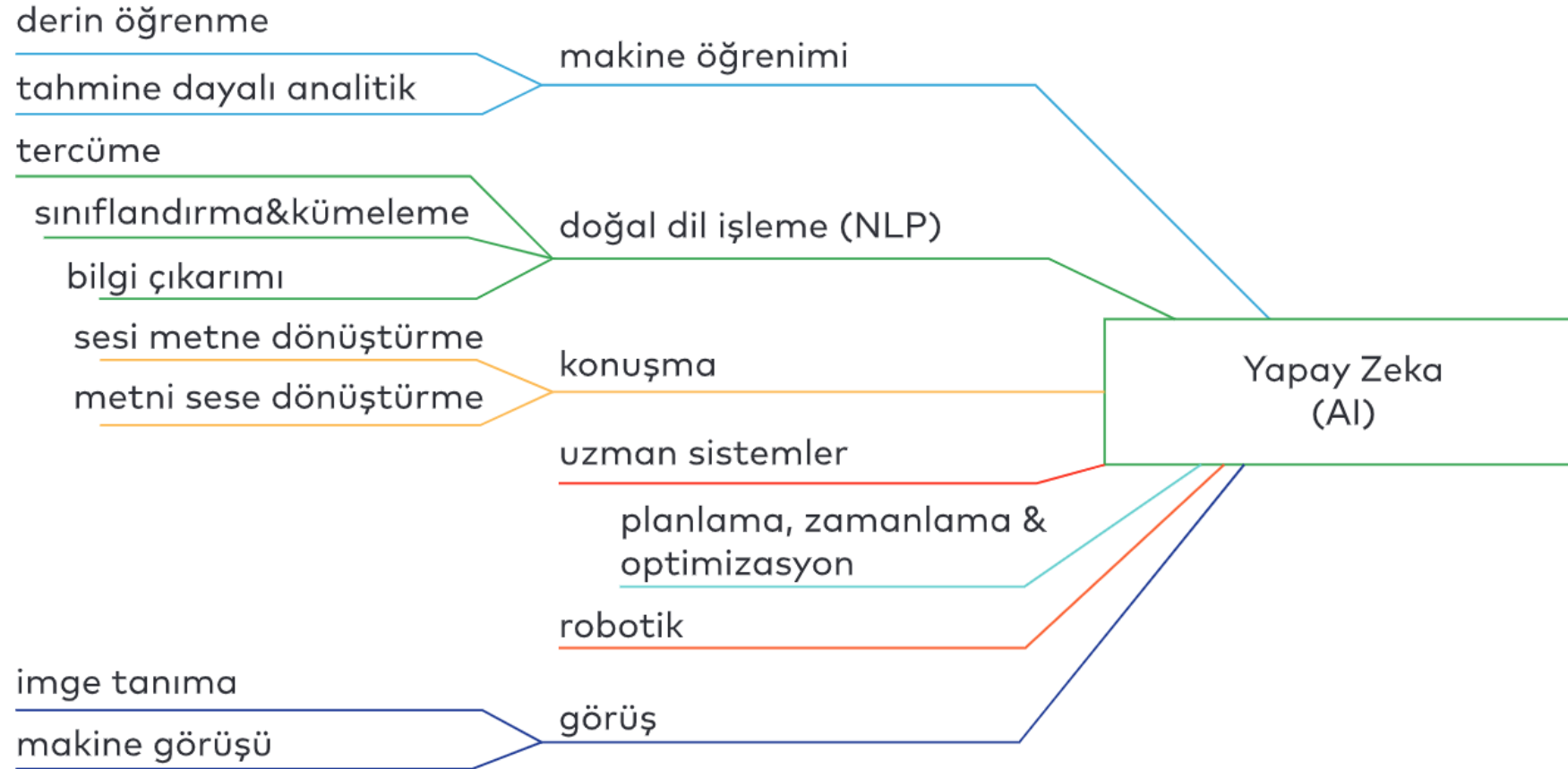
Hastanelerdeki Durum



Yapay Zeka:

Yeni bir çözüm mü?

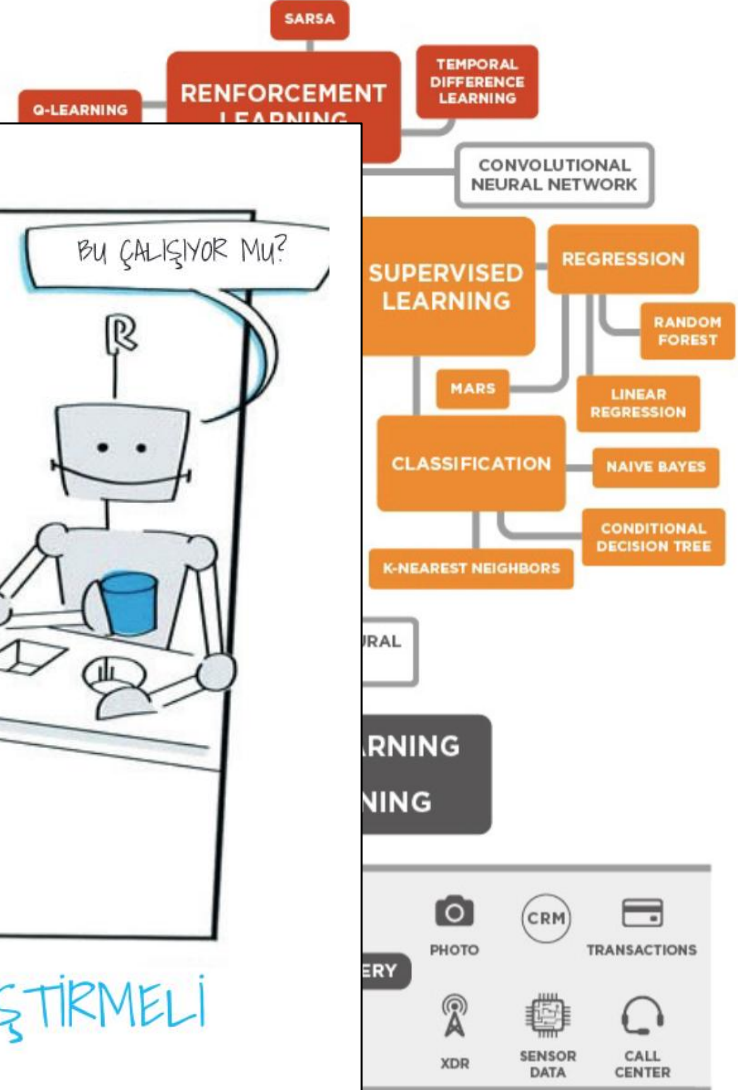
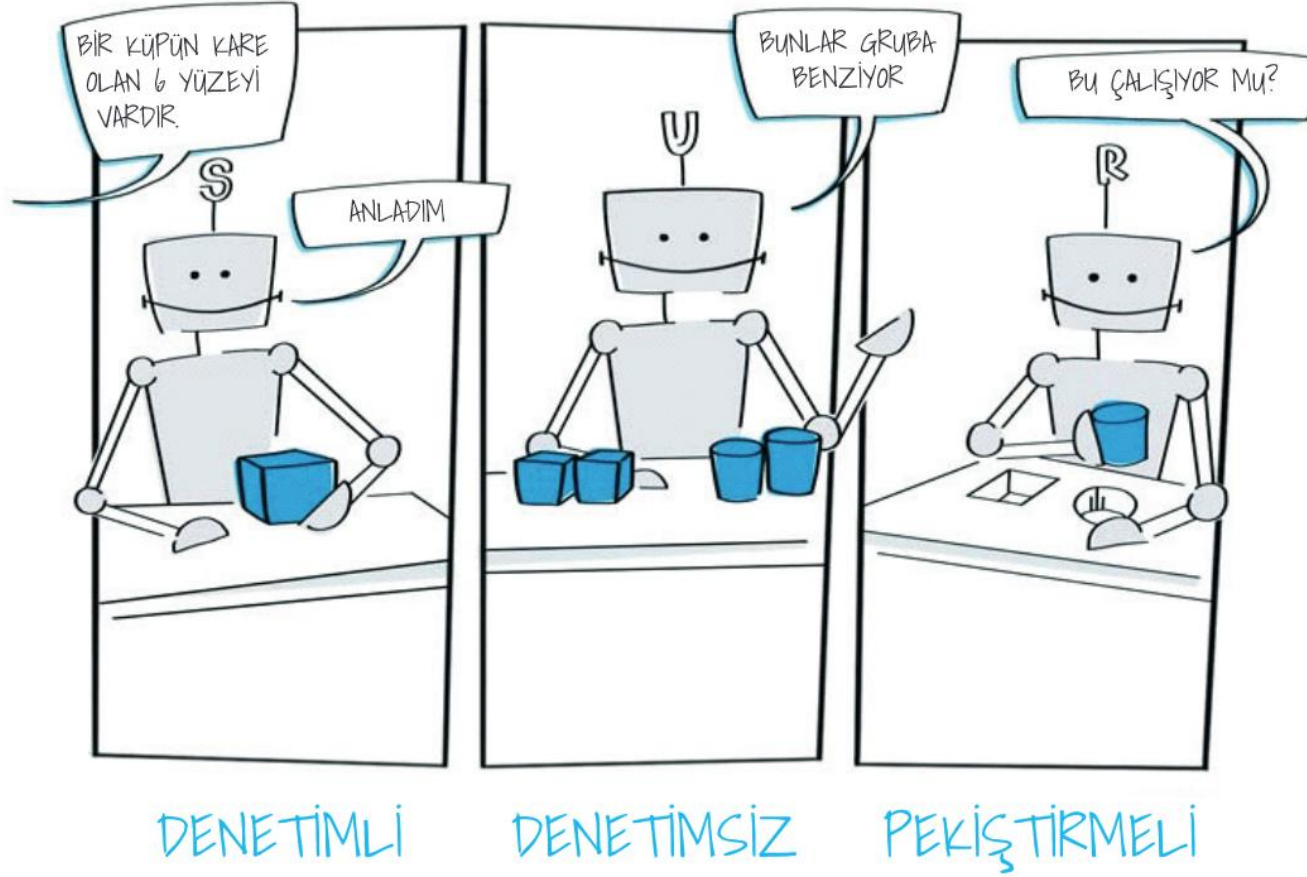
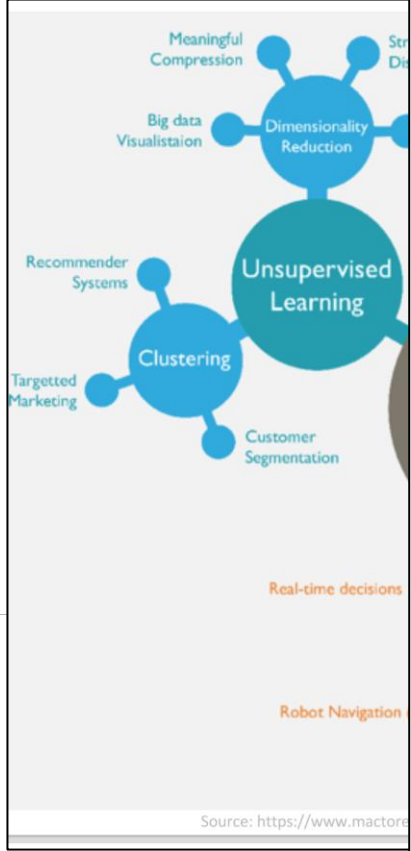




Şekil 13: Yapay Zeka, Makine Öğrenmesi ve Derin Öğrenme Arasındaki İlişki



Artificial Intelligence (AI)



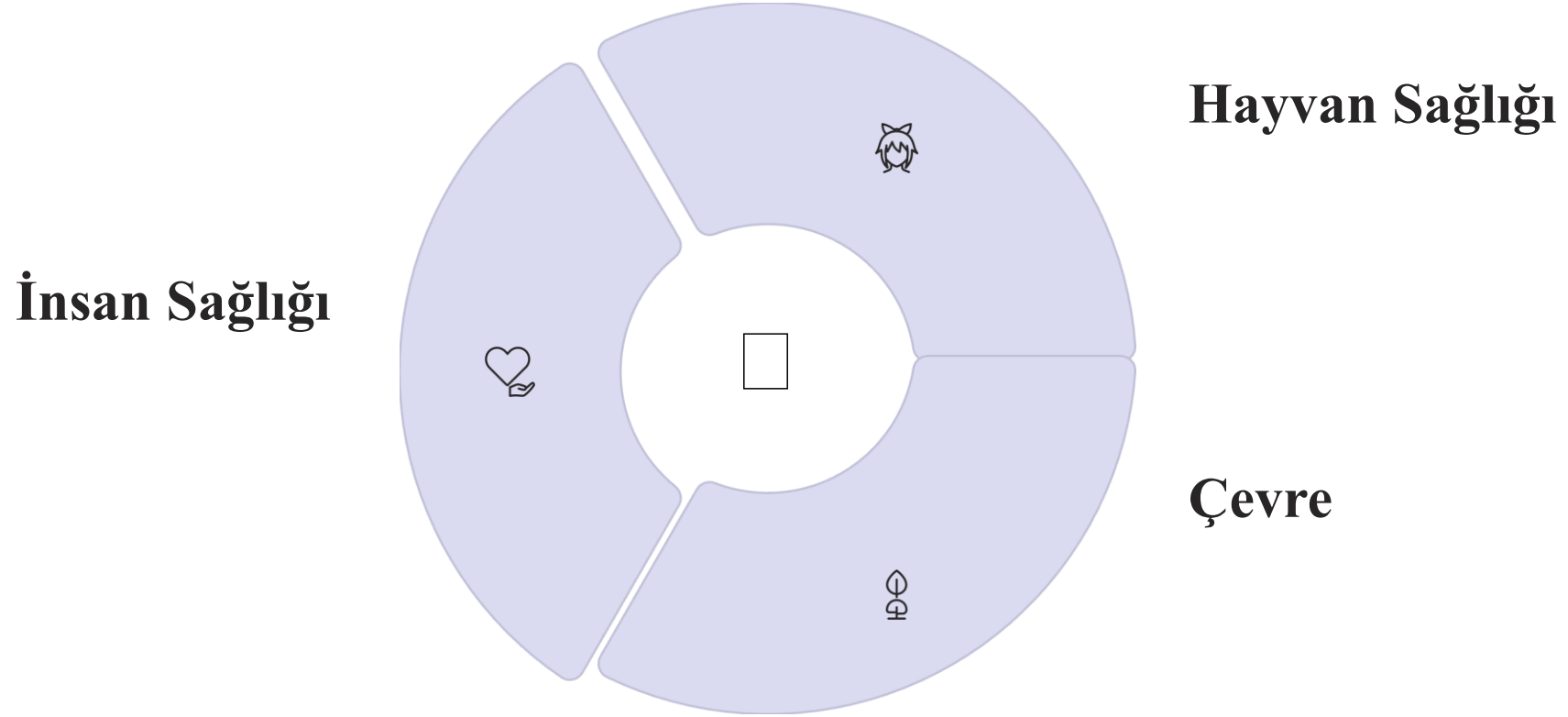
Source: Enrico Galimberti, <http://blogs.teradata.com/data-points/tree-machine-learning-algorithms/>

Bir adım geri çekilelim.

Neden bu kadar karmaşıklaştı?

Antibiyotik kararları artık tek değişkenli değil.

Direnç sadece bizim sorunumuz mu?

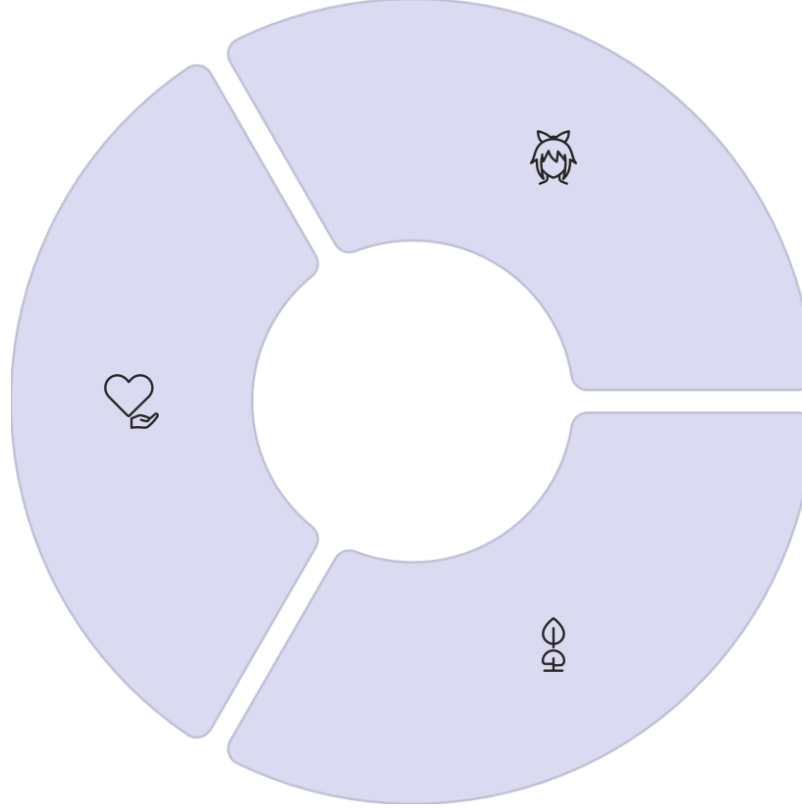




One Health Perspektifi

Tek Sağlık Yaklaşımı ve Sürveyans

İnsan Sağlığı
Klinik veriler, hastane kayıtları ve toplum sağlığı verileri



Hayvan Sağlığı

Veteriner uygulamaları ve hayvancılık sektörü verileri

Çevre

Atık su, toprak ve çevresel örnekleme verileri

Antimikrobiyal Direnç Sürveyansında YZ'nin Rolü

01

Patojen Tanımlama

Dirençli suşların ve genlerin hızla tespit edilmesi

03

Veri Entegrasyonu

Farklı kaynaklardan gelen verilerin birleştirilmesi

02

Çevresel İzleme

Erken uyarı sistemleri ve salgın öngörüsü

04

Karar Destek

Politika yapıcılara kanıta dayalı içgörüler sunulması

Patojen Tanımlama ve Direnç Markerları

Genomik Tarama

DeepARG gibi derin öğrenme modelleri, metagenomik veriler üzerinden hem bilinen hem de henüz tanımlanmamış direnç genlerini (ARG) %97'nin üzerinde hassasiyetle belirleyebilmektedir.

>97%

Hassasiyet

DeepARG modellerinin direnç geni tespitindeki doğruluk oranı

2-5

Gün Tasarruf

Geleneksel kültür yöntemlerine kıyasla kazanılan zaman

Atık su ve tarımsal atıklar gibi "direnç sıcak noktalarının" izlenmesinde kritiktir.

Patojen Ta

Arango-Argoty et al
DOI 10.1186/s4016

SOFTWARE

DeepA
predic
metag

Gustavo Arango

ri

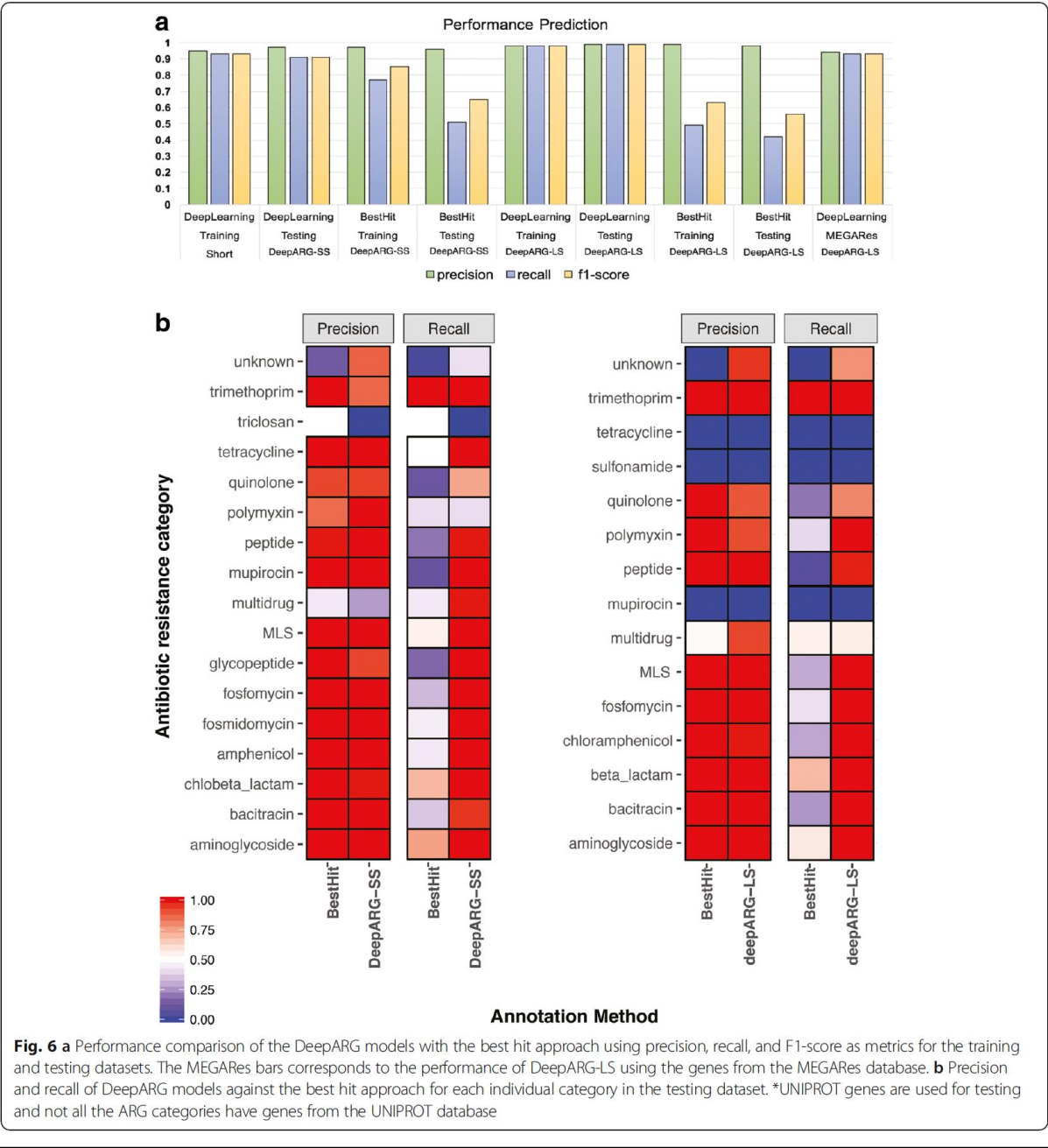
Microbiome

Open Access



r
rom

d² and Liqing Zhang^{1*}



RESEARCH

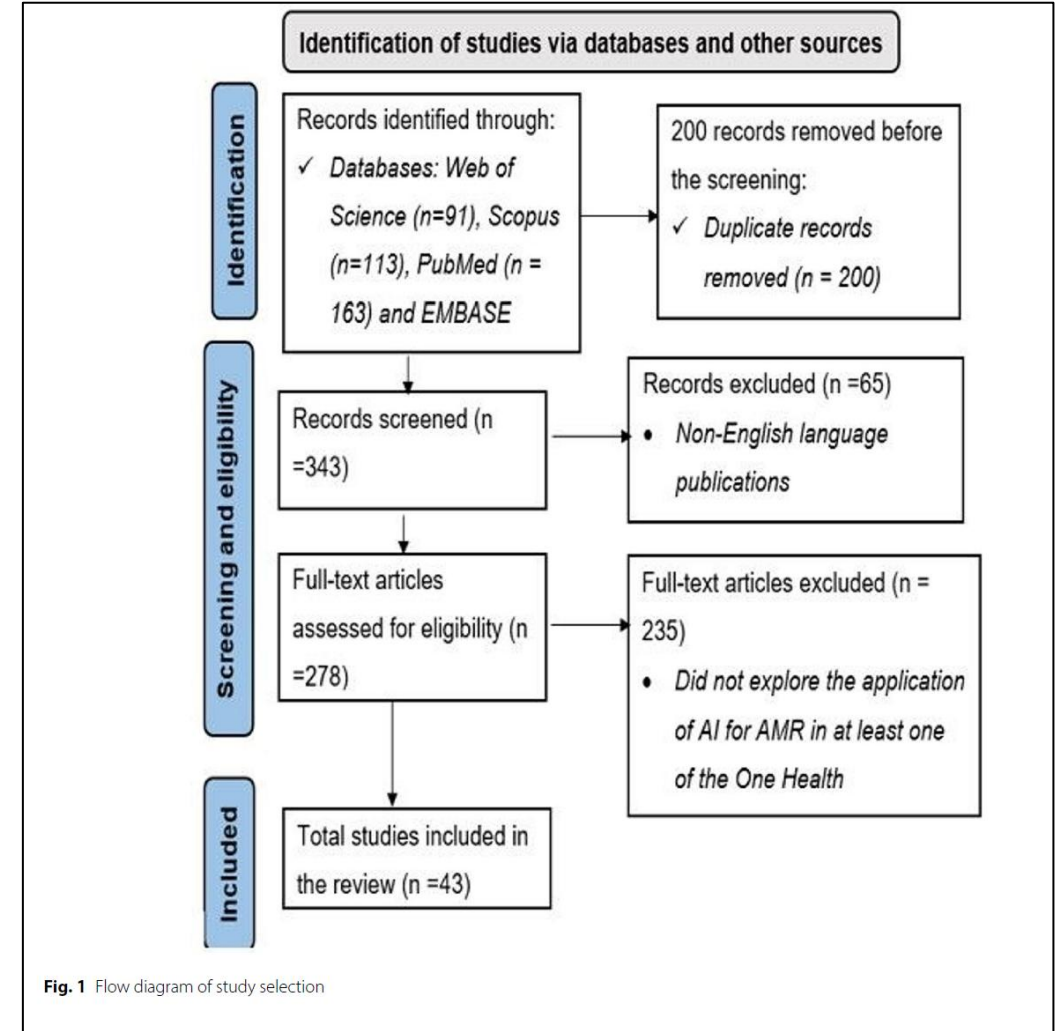
Open Access



Leveraging artificial intelligence for One Health: opportunities and challenges in tackling antimicrobial resistance - scoping review

Gashaw Enbiyale Kasse^{1,2*}, Suzanne M. Cosh³, Judy Humphries¹ and Md Shahidul Islam¹

- YZ'nin insan, hayvan ve çevresel sağlık açısından AMR süzgeçindeki yeri?
- Tek Sağlık çerçevesinden bakınca bize yeni bir bakış açısı veriyor mu?
- Uygulamada hangi zorluklar var?



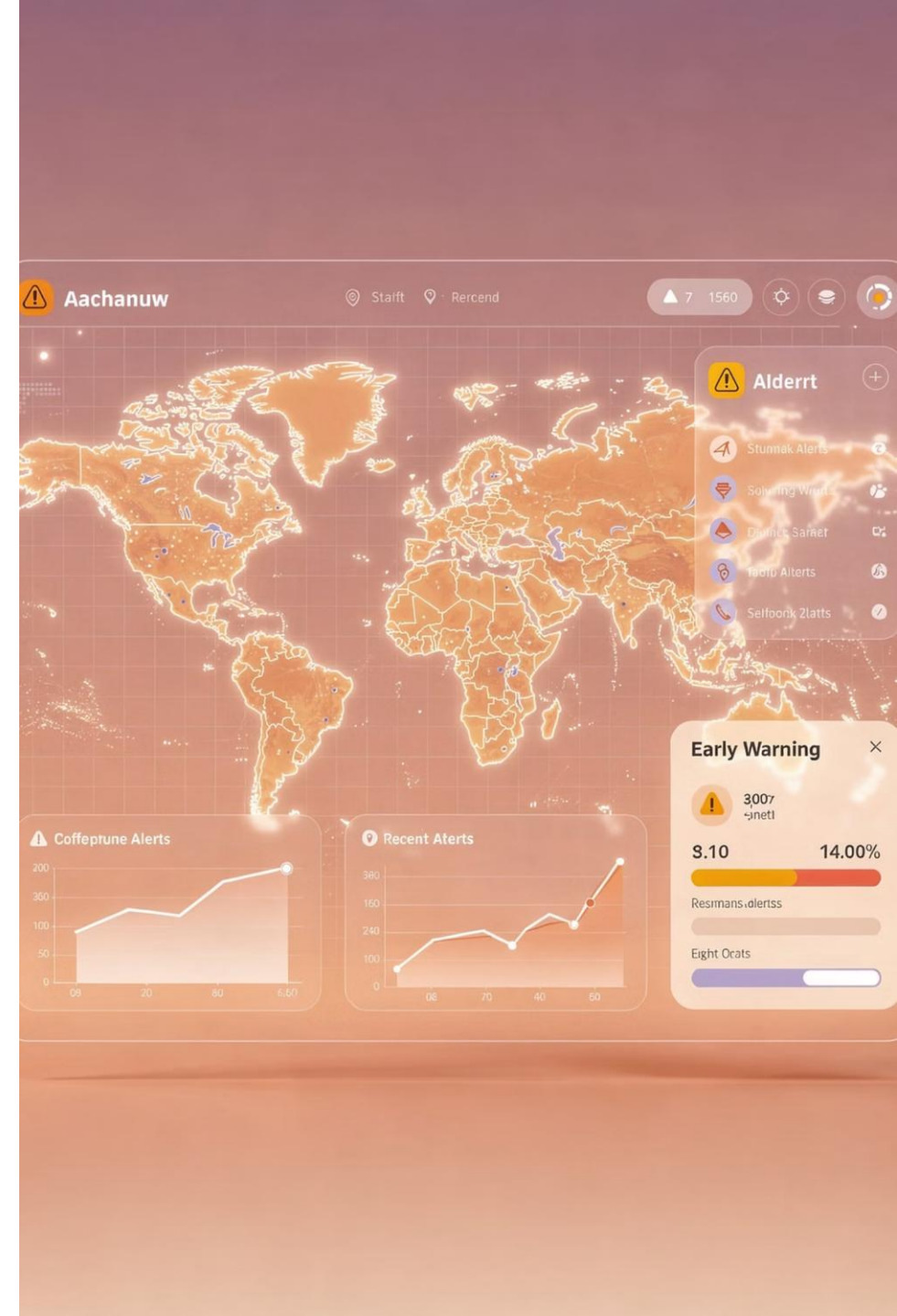
Erken Uyarı Sistemleri

Salgın Öngörüsü

- HealthMap ve benzeri platformlar
- Sosyal medya verileri, haber raporları ve resmi kayıtlar
- 9 dilde analiz
- Gerçek zamanlı

Yatay Gen Transferi Analizi

Yapay zeka, direnç genlerinin farklı türler arasındaki hareketini (mobilom) analiz ederek, hayvansal üretim tesislerinden insan popülasyonuna geçiş riskini değerlendiren modeller sunar.



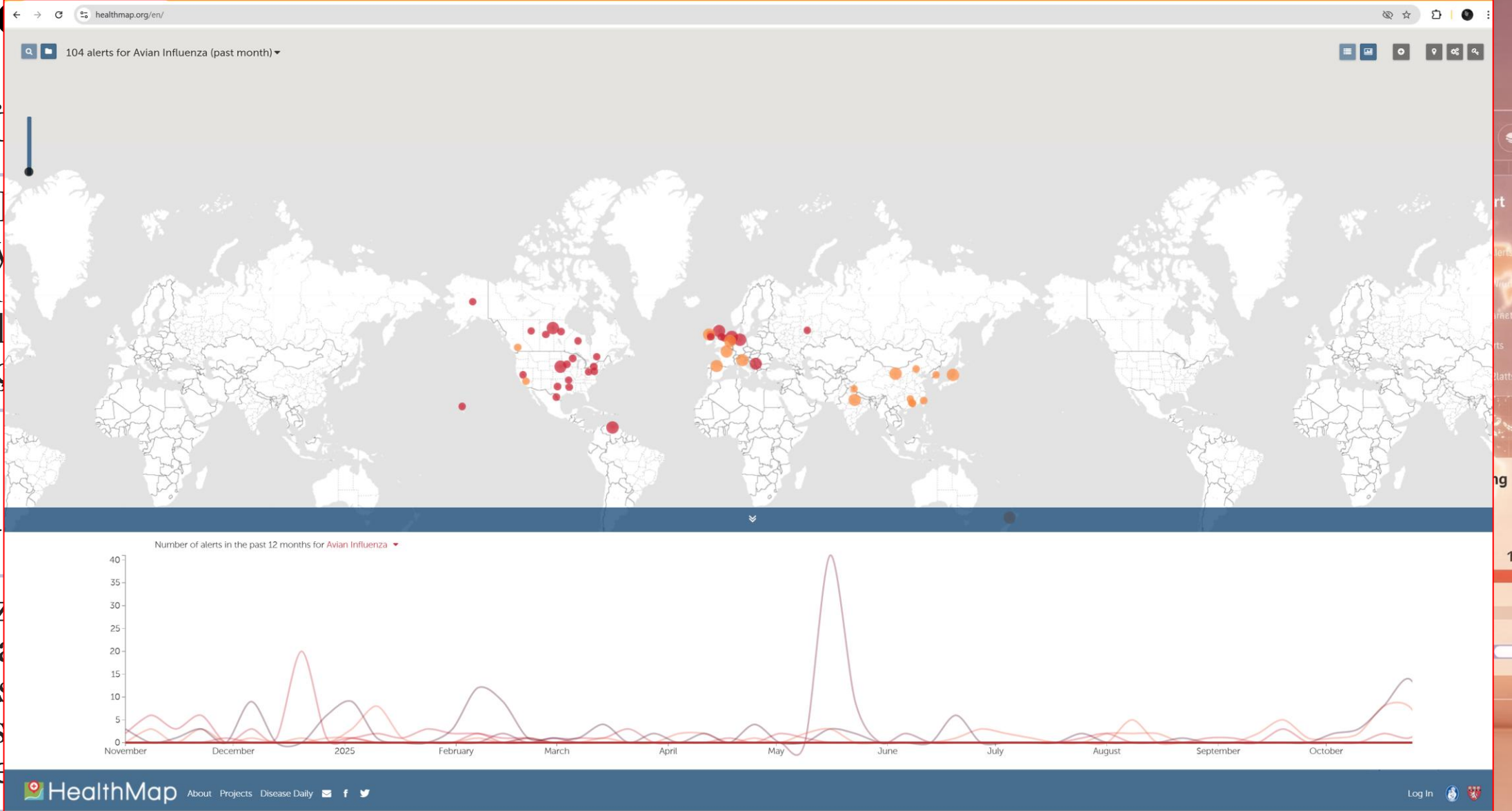
Erke

Salgın Ö

- Hea
- Sosy
- kayı
- 9 dil
- Gerç

Yatay G

Yapay z
arasında
hayvan
popüla
modelle



Erken

Salgın

- Head
- Sos
- kay
- 9 di
- Gen

Yatay C

Yapay
arasında
hayvan
popülasyon
modeller su

na

Art

M
S
a
in

Rec

Acc

Publ

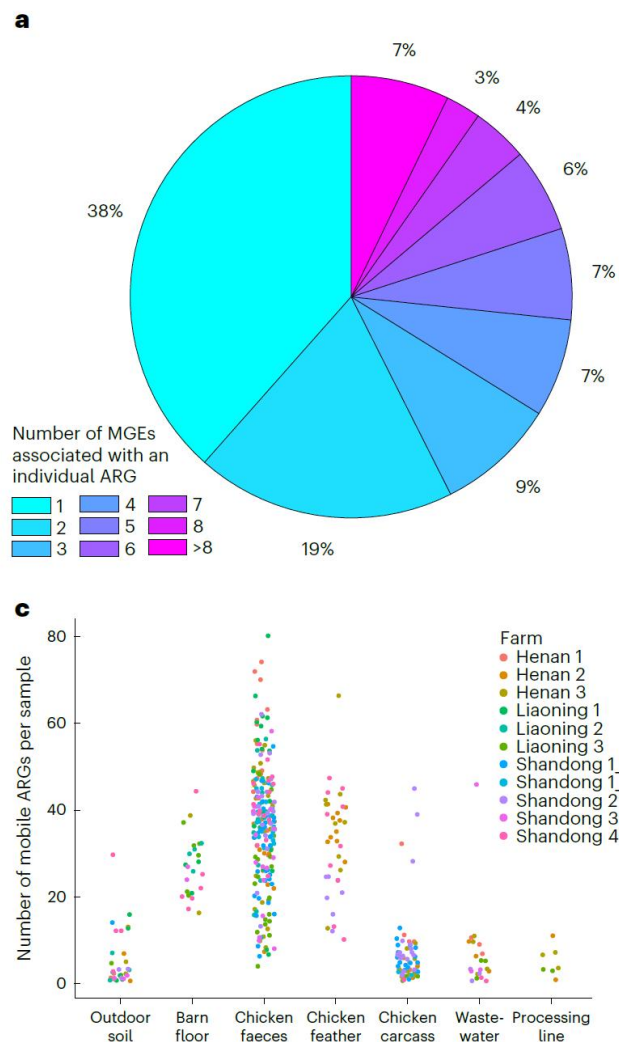


Fig. 1 | Analysis of potentially mobile ARGs. a, Pie chart showing the proportion of ARGs (out of the 195 found) associated with one or multiple MGEs. **b**, Undirected network graph showing potentially mobile ARGs (small orange circles) associated with different sample sources (large green circles). The edges in the graph link the potentially mobile ARGs to the sources in which they were found. **c**, Number of potentially mobile ARGs per sample per source. Each circle represents a single sample, with circles coloured by farm. **d**, Venn diagram

showing that 145 (out of 661) potentially mobile ARGs were found to be present in both chicken and environmental samples on the same farm, and 182 potentially mobile ARGs contained clinically relevant ARGs. An overlap of 46 clinically relevant³⁰ potentially mobile ARGs was found in chicken and environmental sources obtained from the same farm. Note that in this analysis, samples from the same source collected at t_1 (week 3) and t_2 (week 6) were aggregated together, leading to a total of seven sources considered for each farm.

814-w

ong³,

Sürveyans Uygulamasındaki Zorluklar



Küresel Eşitsizlik

AMR yükünün en ağır olduğu düşük ve orta gelirli ülkeler, YZ altyapısı ve veri toplama kapasitesi açısından yetersiz



Veri Siloları

İnsan, hayvan ve çevre sektörleri farklı yönetim yapılarına ve veri formatlarına sahiptir



Kara Kutu Sorunu

Modellerin karar mekanizmalarının şeffaf olmaması, güven?

Yapay Zekanın Dönüştürücü Gücü



Büyük Veri İşleme

- Büyük hacimli klinik ve biyolojik veriler
- Yenilikçi çözümler



Klinik Karar Destek

- Hastaya özgü veriler
- Yerel direnç paternleri
- Farmakolojik parametreler



Hızlı Analiz

Saniyeler içinde

Kanıta dayalı kararlar!

Direnç Öngörüsü ve Tespiti



Genomik ve Metagenomik Çalışmalar

DeepARG Modelleri

Li et al. *Microbiome* (2021) 9:40
<https://doi.org/10.1186/s40168-021-01002-3>

Microbiome

METHODOLOGY

Open Access

HMD-ARG: hierarchical multi-task deep learning for annotating antibiotic resistance genes



Yu Li^{1,2†}, Zeling Xu^{3†}, Wenkai Han^{1†}, Huiluo Cao^{4†}, Ramzan Umarov¹, Aixin Yan³, Ming Fan⁵, Huan Chen⁶, Carlos M. Duarte^{1,7}, Lihua Li⁵, Pak-Leung Ho⁴ and Xin Gao^{1*}

WGS ve MIC Öngörüsü

Bütün genom dizileme verileri kullanılarak yapılan çalışmalar, bakterilerin minimum inhibitör konsantrasyonu değerlerini öngörmeyi başarmıştır.

HMD-ARG ve ARGNet

Protein dizilerinden doğrudan direnç sınıfı ve

Wang et al. *BMC Genomics* (2024) 25:167
<https://doi.org/10.1186/s12864-024-10066-y>

BMC Genomics

RESEARCH

Open Access

TB-DROP: deep learning-based drug resistance prediction of *Mycobacterium tuberculosis* utilizing whole genome mutations



Yu Wang³, Zhonghua Jiang¹, Pengkuan Liang^{1,2}, Zhuochong Liu¹, Haoyang Cai^{3*} and Qun Sun^{1*}

Spektrosko

MALDI-TOF MS

Kütle spektrometrisi ve
MSDeepAMR gibi n
üzerindeki çalışmalar
dirençli suşları sınıfla

Özellikle *S. aureus* ve
bazı antibiyotikler %8
değerlerine ulaşabilm

Not: FTIR taba
doğrulukla beli

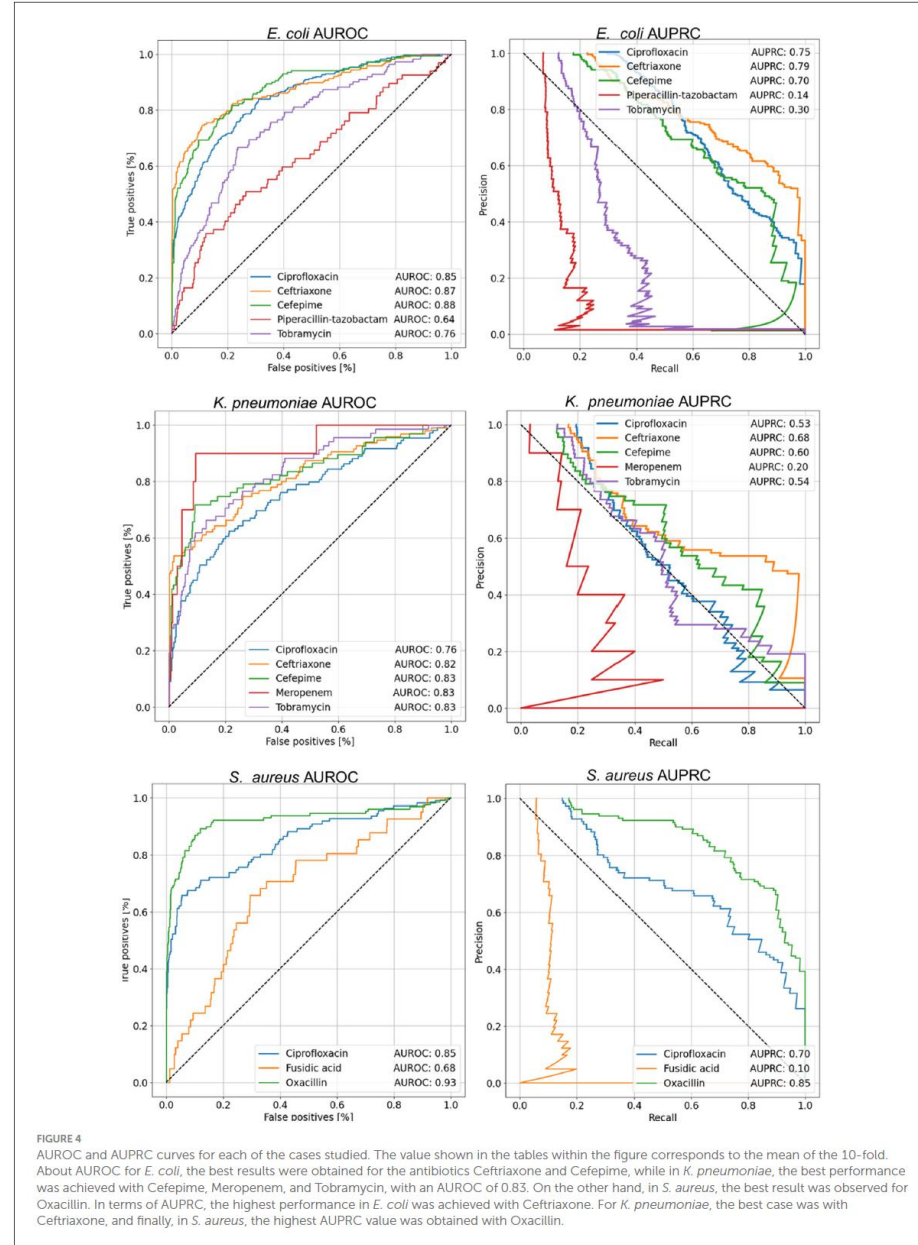


FIGURE 4
AUROC and AUPRC curves for each of the cases studied. The value shown in the tables within the figure corresponds to the mean of the 10-fold. About AUROC for *E. coli*, the best results were obtained for the antibiotics Ceftriaxone and Cefepime, while in *K. pneumoniae*, the best performance was achieved with Cefepime, Meropenem, and Tobramycin, with an AUROC of 0.83. On the other hand, in *S. aureus*, the best result was observed for Oxacillin. In terms of AUPRC, the highest performance in *E. coli* was achieved with Ceftriaxone. For *K. pneumoniae*, the best case was with Ceftriaxone, and finally, in *S. aureus*, the highest AUPRC value was obtained with Oxacillin.

MSDeepAMR: antimicrobial resistance prediction based on deep neural networks and transfer learning

Xavier A. López-Cortés^{1,2*}, José M. Manríquez-Troncoso¹,
Ruber Hernández-García^{1,3} and Daniel Peralta⁴

¹Department of Computer Sciences and Industries, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile,
²Centro de Innovación en Ingeniería Aplicada (CIIA), Universidad Católica del Maule, Talca, Chile,
³Laboratory of Technological Research in Pattern Recognition (LITRP), Universidad Católica del Maule,
Talca, Chile, ⁴IDLab, Department of Information Technology, Ghent University-imec, Ghent, Belgium

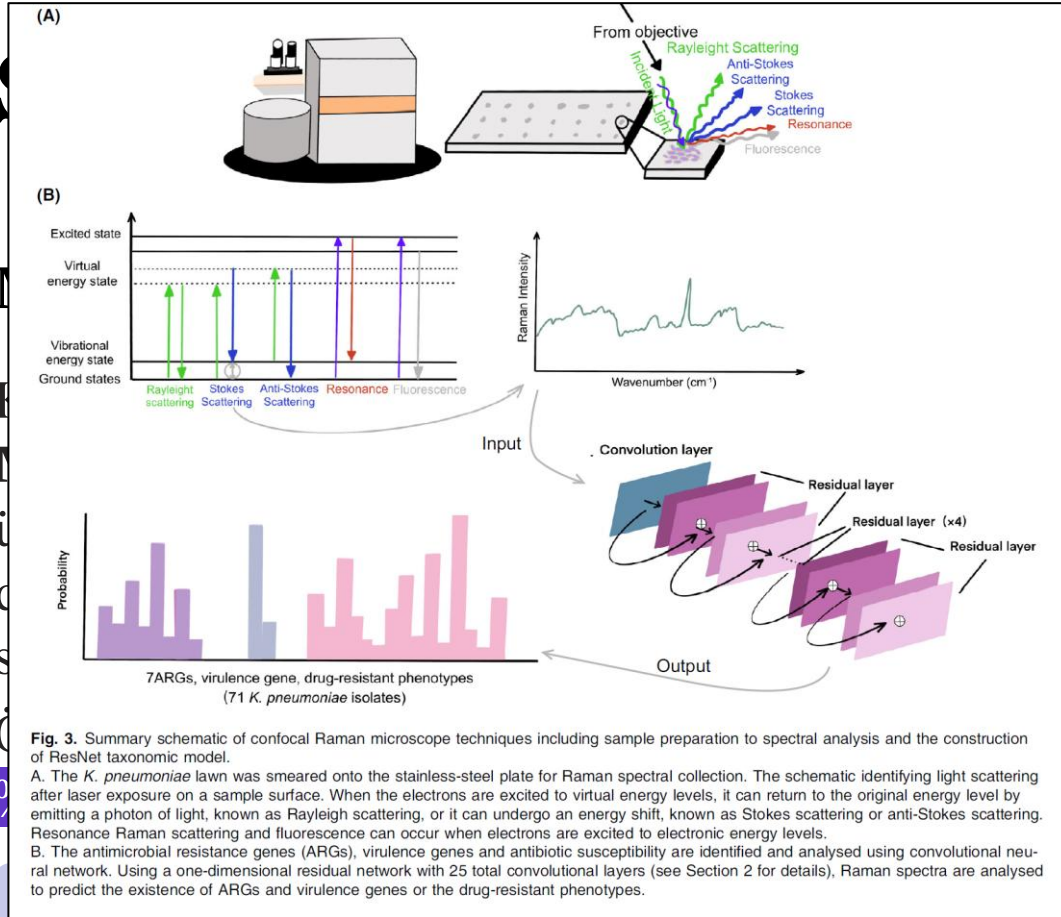
Introduction: Antimicrobial resistance (AMR) is a global health problem that requires early and effective treatments to prevent the indiscriminate use of antimicrobial drugs and the outcome of infections. Mass Spectrometry (MS), and more particularly MALDI-TOF, have been widely adopted by routine clinical microbiology laboratories to identify bacterial species and detect AMR. The analysis of AMR with deep learning is still recent, and most models depend on filters and preprocessing techniques manually applied on spectra.

Methods: This study propose a deep neural network, MSDeepAMR, to learn from raw mass spectra to predict AMR. MSDeepAMR model was implemented for *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, and *Staphylococcus aureus* under different antibiotic resistance profiles. Additionally, a transfer learning test was performed to study the benefits of adapting the previously trained models to external data.

Results: MSDeepAMR models showed a good classification performance to detect antibiotic resistance. The AUROC of the model was above 0.83 in most cases studied, improving the results of previous investigations by over 10%. The adapted models improved the AUROC by up to 20% when compared to a model trained only with external data.

Discussion: This study demonstrate the potential of the MSDeepAMR model to predict antibiotic resistance and their use on external MS data. This allow the extrapolation of the MSDeepAMR model to be used in different laboratories that need to study AMR and do not have the capacity for an extensive sample collection.

Yöntem Yöntemleri



❏ **Not:** FTIR (Fourier Transform Infrared Spectroscopy) tabanlı çalışmalar, *P. aeruginosa* duyarlılığını 20 dakikadan kısa sürede %82-90 doğrulukla belirleyebilmiştir.



► Microb Biotechnol. 2021 Nov 29;15(4):1270–1280. doi: [10.1111/1751-7915.13960](https://doi.org/10.1111/1751-7915.13960)

Identification of antibiotic resistance and virulence-encoding factors in *Klebsiella pneumoniae* by Raman spectroscopy and deep learning

[Jiayue Lu](#)^{1,*}, [Jifan Chen](#)^{2,*}, [Congcong Liu](#)¹, [Yu Zeng](#)¹, [Qiaoling Sun](#)¹, [Jiaping Li](#)¹, [Zhangqi Shen](#)³, [Sheng Chen](#)⁴, [Rong Zhang](#)^{1,✉}

► Author information ► Article notes ► Copyright and License information

PMCID: PMC8966003 PMID: [34843635](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34843635/)

Spek

MALDI

Kütle s

MSDec

üzerind

dirençli

sınıflan

Özellik

%80'in



N

d



Contents lists available at ScienceDirect

Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy

journal homepage: www.elsevier.com/locate/saa



opisi

akalama

netik ve

an

rında direnç

doğrulukla

90

M. Suleiman, G. Abu-Aqil, U. Sharaha et al.

Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy 274 (2022) 121080

Table 3

Performances of RF in terms of AUC, accuracy, sensitivity, specificity, PPV, and NPV, calculated using selected IRS and SDIRS databases in the spectral region of 1800–900 cm⁻¹.

Antibiotic	sensitive isolates	resistant isolates	Second derivative	AUC	Accuracy	sensitivity	specificity	PPV	NPV
Ceftazidime	461	126	IRS	0.88	0.84	0.87	0.70	0.91	0.60
			SDIRS	0.90	0.85	0.89	0.69	0.91	0.63
Ciprofloxacin	458	132	IRS	0.89	0.82	0.86	0.67	0.90	0.59
			SDIRS	0.92	0.87	0.91	0.74	0.93	0.70
Gentamicin	491	99	IRS	0.91	0.86	0.88	0.77	0.95	0.56
			SDIRS	0.92	0.88	0.91	0.72	0.94	0.62
Imipenem	463	67	IRS	0.86	0.79	0.81	0.66	0.94	0.33
			SDIRS	0.88	0.82	0.84	0.67	0.95	0.37
Levofloxacin	418	149	IRS	0.87	0.80	0.84	0.68	0.88	0.60
			SDIRS	0.90	0.85	0.90	0.71	0.90	0.71
Meropenem	521	68	IRS	0.83	0.79	0.81	0.67	0.95	0.31
			SDIRS	0.89	0.85	0.87	0.67	0.95	0.40
Piperacillin	37	157	IRS	0.87	0.80	0.85	0.68	0.87	0.65
			SDIRS	0.89	0.83	0.89	0.69	0.88	0.70
Tobramycin	479	86	IRS	0.91	0.86	0.88	0.76	0.95	0.54
			SDIRS	0.94	0.90	0.92	0.79	0.96	0.64

Görüntüleme ve Morfoloji Temelli Analiz



Identification of Bacterial Drug-Resistant Cells by the Convolutional Neural Network in Transmission Electron Microscope Images

OPEN ACCESS

Edited by:
Caterina Guzmán-Verrí,
National University of Costa Rica,
Costa Rica

Mitsuko Hayashi-Nishino^{1,2,3,*†}, Kota Aoki^{1*†}, Akihiro Kishimoto¹, Yuna Takeuchi², Aiko Fukushima¹, Kazushi Uchida², Tomio Echigo⁴, Yasushi Yagi¹, Mika Hirose⁵, Kenji Iwasaki⁶, Eitaro Shin'ya¹, Takashi Washio¹, Chikara Furusawa^{7,8} and Kunihiro Nishino^{1,2,9*}

- Antibiyotik maruziyeti olmadan önce
- Hücre zarfındaki yapısal değişikliklerin analizi
- %94 doğruluk

TEM ve CNN Kombinasyonu

Hayashi-Nishino et al.

Identification of Drug-Resistant Cells by CNN

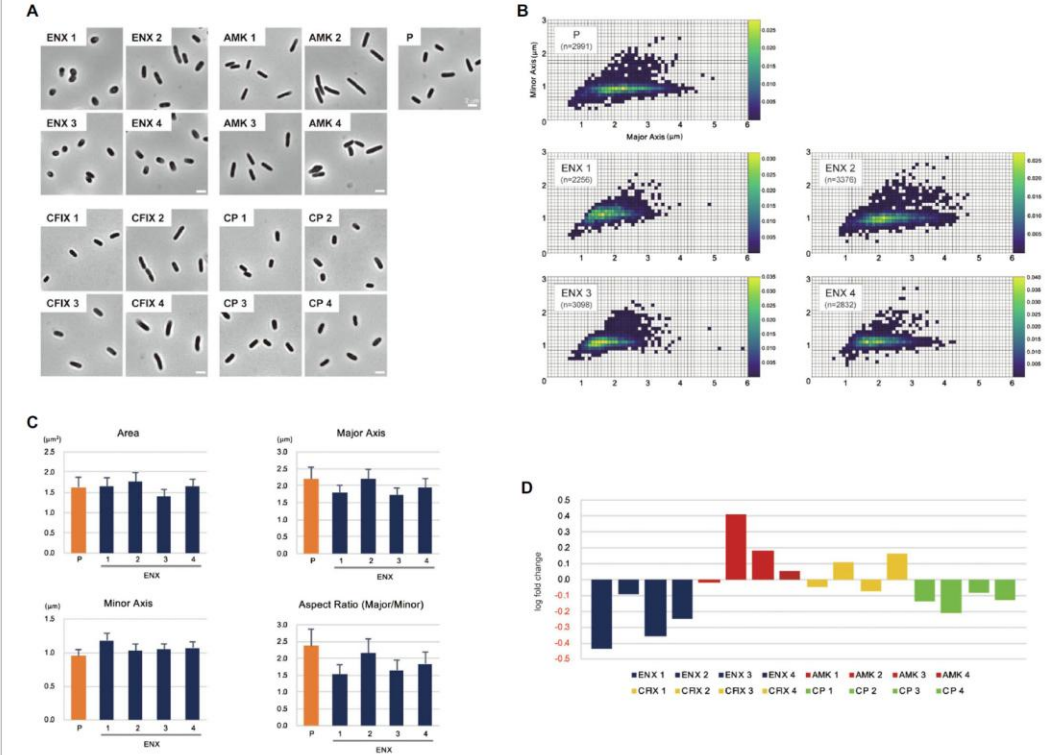


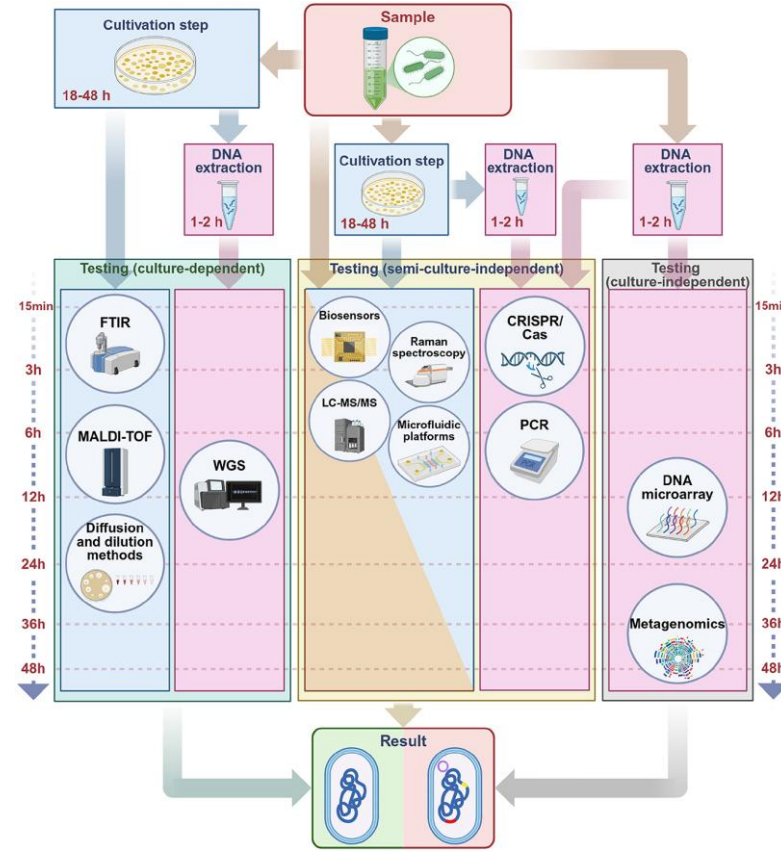
FIGURE 1 | Light microscopy of drug-resistant strains. **(A)** Representative images of four different drug-resistant strains, enoxacin (ENX), amikacin (AMK), cefixime (CFIX), chloramphenicol (CP), and the parental strain (P) are shown. Scale bars, 2 μm. **(B–D)** Results of the morphometric analysis presented as **(B)** scatter plots of major vs. minor axis lengths of the parental cells and ENX-resistant cells. The color scales indicate the ratio of cell densities. **(C)** Bar graphs show averages of bacterial cell sizes, major and minor axis lengths, and the aspect ratio. All indicated data were significantly different by $p < 0.01$, Welch's t -test. **(D)** Logarithmic changes in the average aspect ratio of the indicated drug-resistant strains against the parental strain are shown.

İleri Teknolojik Platformlar

CRISPR/Cas Tabanlı Teşhis



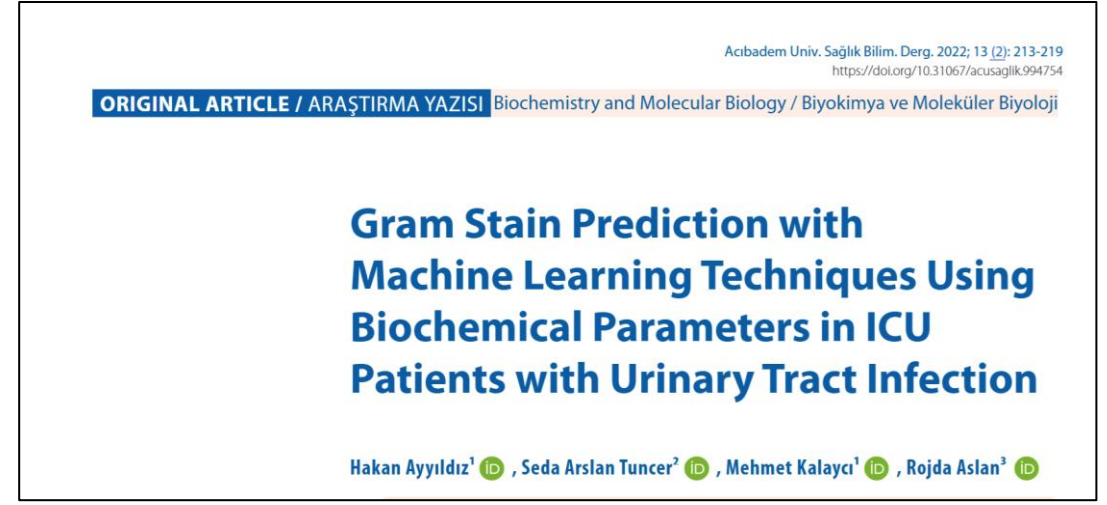
Mikroakışkan Sistemler



Cas12, Cas13 ve Cas14 sistemleri, YZ tarafından optimize edilen rehber RNA'lar aracılığıyla direnç genlerini **tek nükleotid çözünürlüğünde** tespit edebilmektedir.

"Çip üstü laboratuvar" (lab-on-chip) teknolojileri, bakteriyel büyümeyi nanolitre düzeyinde izleyerek **30 dakika ila 3 saat** gibi kısa sürelerde verebilmektedir.

- (YBÜ) izlenen idrar yolu enfeksiyonu olan hastalar
- Rutin laboratuvar parametreleri



- **Gram-negatif ve Gram-pozitif bakteri ayrımının** makine öğrenmesi ile tahmin edilip edilemeyeceği
- **Retrospektif** tasarımda
- Mart 2019–Mayıs 2020 arasında izlenen **203 YBÜ hastasının** tam kan sayımı, idrar tahlili ve CRP verileri
- Dört farklı model kullanılıyor.
- En yüksek performans Yapay Sinir Ağı (ANN) %86,4 doğruluk, %88,5 duyarlılık ve %73,5 özgüllük

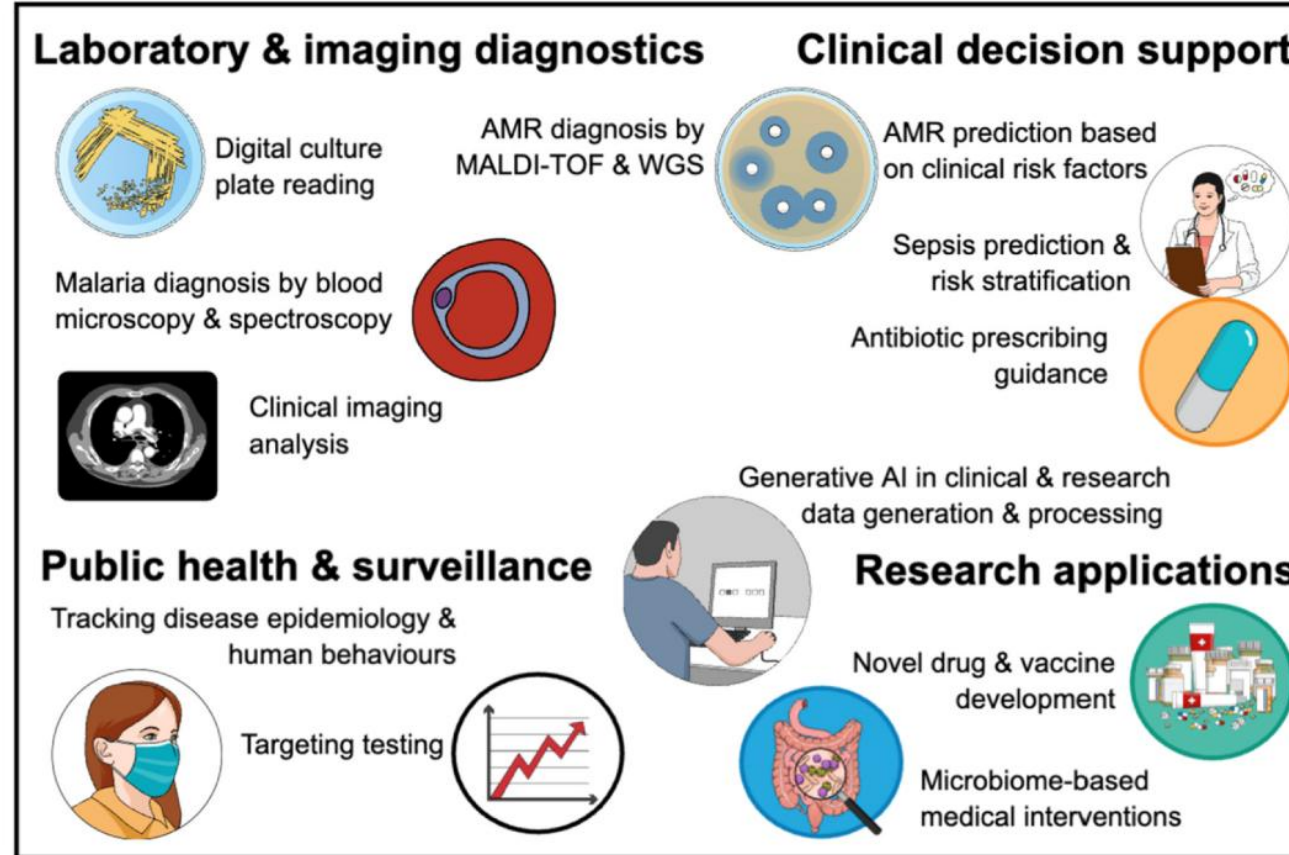


Fig. 3. Examples of artificial intelligence (AI) applications in research and management of human infections. AMR: antimicrobial resistance; MALDI-TOF: matrix-assisted laser desorption/ionisation–time of flight mass spectrometry; WGS: whole genome sequencing.

Yapay Zekâ ve Patogenezi

Al

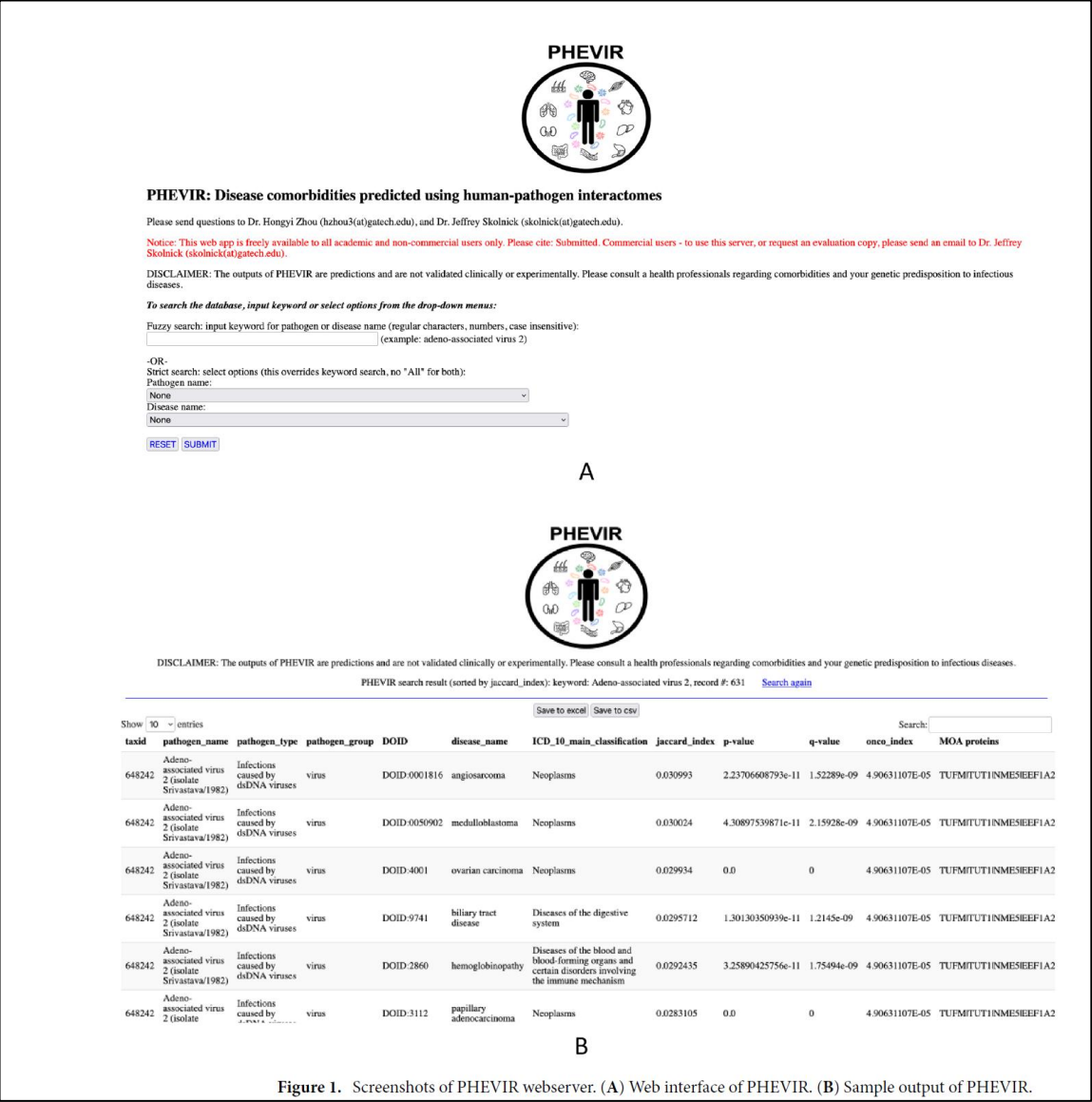


Figure 1. Screenshots of PHEVIR webserver. (A) Web interface of PHEVIR. (B) Sample output of PHEVIR.

nature > scienti

article | Open a

PHEVIR:
predicts
human d

ongyi Zhou, Co

z edere

irüs,

bakteri

Taxid	Pathogen name	Pathogen type	J-score	p value	q-value
Type 2 diabetes					
11678	Human immunodeficiency virus type 1 group M subtype B (isolate BH10)	Infections caused by ssRNA-RT viruses	0.0226	8.11E-06	0.00292
10360	Human cytomegalovirus (strain AD169)	Infections caused by dsDNA viruses	0.0169	0.000625	0.01437
11108	Hepatitis C virus genotype 1a (isolate H)	Infections caused by + ssRNA viruses	0.0166	0.000925	0.00867
333761	Human papillomavirus type 18	Infections caused by dsDNA viruses	0.0148	0.000578	0.0264
10600	Human papillomavirus type 6b	Infections caused by dsDNA viruses	0.0136	0.00495	0.0242
82830	Epstein-Barr virus (strain AG876)	Infections caused by dsDNA viruses	0.0134	0.00105	0.0145
Atherosclerosis					
333284	Hepatitis C virus genotype 1b (isolate Con1)	Infections caused by + ssRNA viruses	0.0179	0.00031	0.0445
10600	Human papillomavirus type 6b	Infections caused by dsDNA viruses	0.0174	0.00060	0.0183
41856	Hepatitis C virus genotype 1	Infections caused by + ssRNA viruses	0.0164	0.00144	0.0357
11103	Hepacivirus C	Infections caused by + ssRNA viruses	0.0145	1.17E-05	0.0004
85962	Helicobacter pylori (strain ATCC 700392/26695)	Infections caused by epsilon proteobacteria	0.0112	4.17E-05	0.0002
10280	Molluscum contagiosum virus subtype 1	Infections caused by dsDNA viruses	0.0070	0.0188	0.0492
Inflammatory bowel disease					
11706	Human immunodeficiency virus type 1 group M subtype B (isolate HXB2)	Infections caused by ssRNA-RT viruses	0.0274	4.94E-06	2.33E-05
211044	Influenza A virus (strain A/Puerto Rico/8/1934 H1N1)	Infections caused by -ssRNA viruses	0.0255	8.93E-05	0.0005
11044	Rubella virus (strain RA27/3 vaccine)	Infections caused by + ssRNA viruses	0.0255	9.06E-05	0.0005
632	Yersinia pestis	Infections caused by enterobacteria	0.0248	0.00015	0.0017
158611	Influenza A virus (A/Paris/908/97(H3N2))	Infections caused by -ssRNA viruses	0.0169	0.00327	0.0239
10280	Molluscum contagiosum virus subtype 1	Infections caused by dsDNA viruses	0.0157	2.43E-10	9.00E-10
382835	Influenza A virus (A/WSN/1933(H1N1))	Infections caused by -ssRNA viruses	0.0151	6.67E-05	0.0020
928302	Hepatitis B virus genotype C subtype ayr (isolate Human/Japan/Okamoto/-)	Infections caused by dsDNA-RT viruses	0.0131	0.00125	0.0107
11103	Hepacivirus C	Infections caused by + ssRNA viruses	0.0070	0.00022	0.0045
290579	Human immunodeficiency virus type 1 group M subtype B (isolate Lai)	Infections caused by ssRNA-RT viruses	0.0070	0.00036	0.0052
Alzheimer's disease					
1891767	Simian virus 40	Infections caused by ssRNA-RT viruses	0.0185	0.00066	0.0053
211044	Influenza A virus (strain A/Puerto Rico/8/1934 H1N1)	Infections caused by -ssRNA viruses	0.0157	0.0044	0.0149
11044	Rubella virus (strain RA27/3 vaccine)	Infections caused by + ssRNA viruses	0.0157	0.0045	0.0151
381518	Influenza A virus (strain A/Wilson-Smith/1933 H1N1)	Infections caused by -ssRNA viruses	0.0156	0.0021	0.0074
796210	Bunyavirus La Crosse (isolate Human/United States/L78/1978)	Infections caused by -ssRNA viruses	0.0135	0.0032	0.0329
69156	Murid herpesvirus 1 (strain K181)	Infections caused by dsDNA viruses	0.0109	0.0018	0.0253
10915	Rotavirus A (strain RVA/Pig/United States/OSU/1977/G5P9[7])	Infections caused by dsRNA viruses	0.0091	7.81E-05	0.0013
31684	Simian immunodeficiency virus agm.grivet (isolate AGM gr-1)	Infections caused by ssRNA-RT viruses	0.0086	0.0028	0.0242
73475	Chicken anemia virus (isolate Germany Cuxhaven-1)	Infections caused by ssDNA viruses	0.0061	0.0019	0.0205
11707	Human immunodeficiency virus type 1 group M subtype B (isolate HXB3)	Infections caused by ssRNA-RT viruses	0.0060	0.0026	0.0153

Table 3. Top 10 pathogens associated with 4 common complex diseases: Type 2 diabetes, Atherosclerosis, Inflammatory bowel disease, and Alzheimer's disease.





Klinik Karar Destek Sistemleri- CDSS

Kişiselleştirilmiş Tedavi Yaklaşımı

Bireysel Antibiyogramlar

Her hastanın;

- Tıbbi geçmişi
- Klinik profili

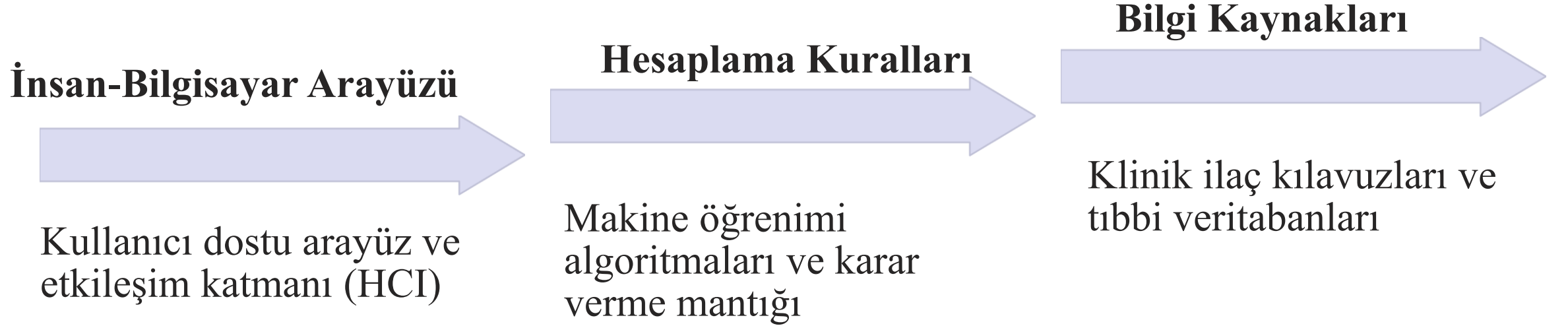
analiz ederek

Kişiselleştirilmiş antibiyogramlar

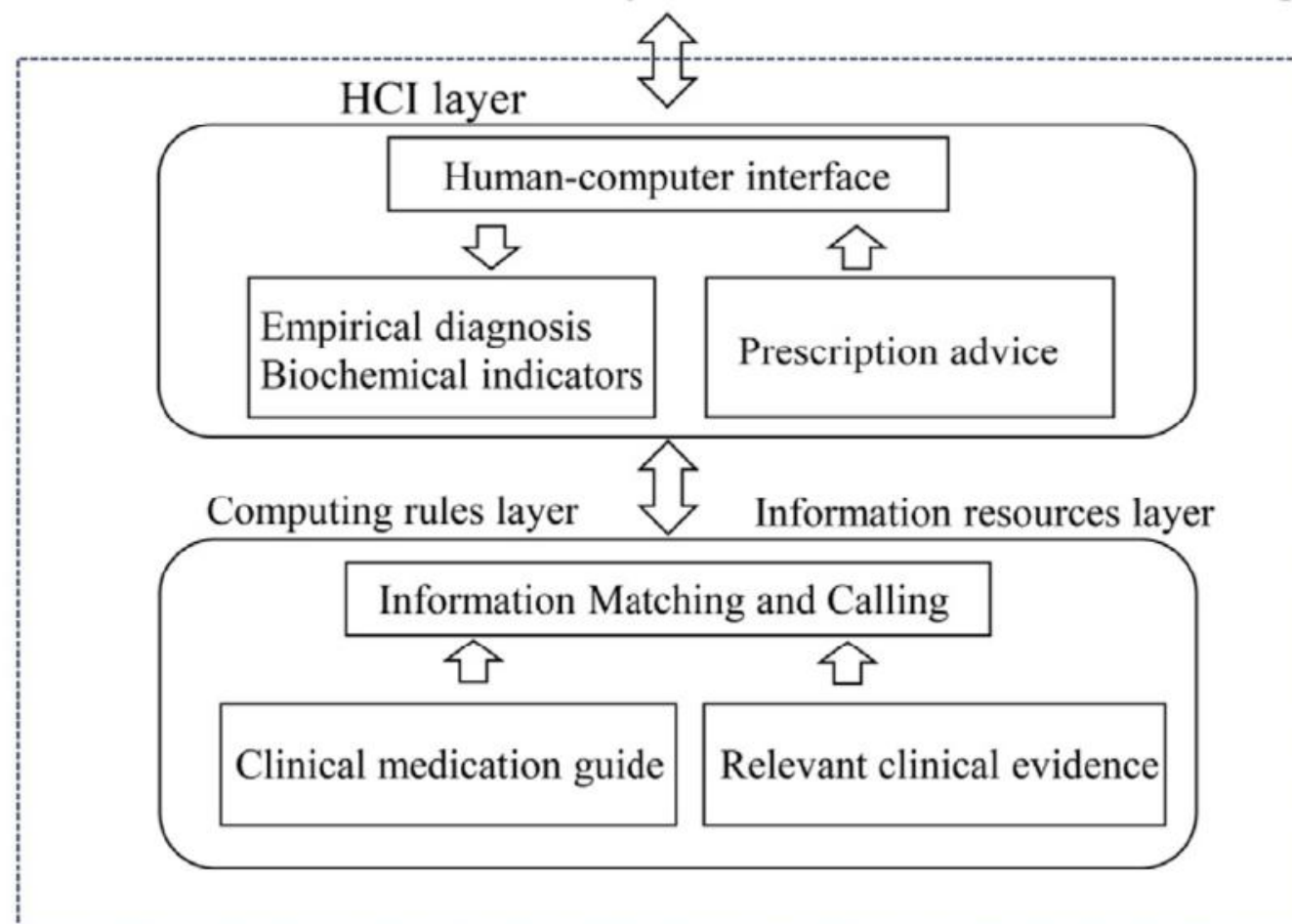
Hassas Dozaj

- Özellikle *yoğun bakım hastaları* gibi yüksek farmakokinetik değişkenliğe sahip gruplarda,
- Dar terapötik aralığa sahip ilaçların dozaj optimizasyonu

CDSS Mimarisi ve Temel Katmanlar

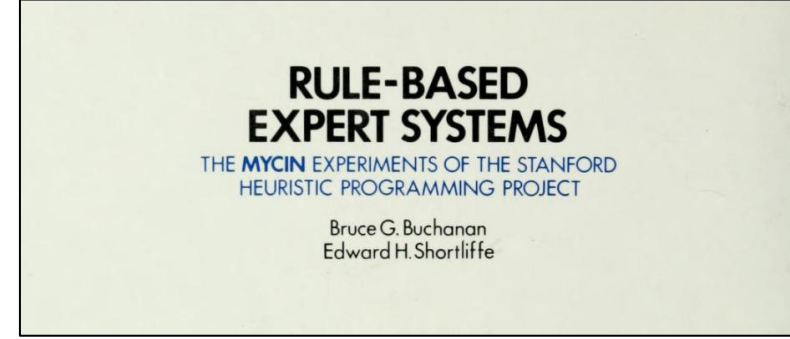


Özellikle sepsis öngörüsü, ampirik tedavi seçimi, dozaj optimizasyonu ve antibiyotik yönetim programları



Clinical decision support system

MYCIN



- 1970’li yıllarda Stanford Üniversitesi’nde geliştirildi
- **Antibiyotik seçimi ve doz önerisi** amacıyla tasarlanmış **kural tabanlı bir klinik karar destek sistemidir.**
- **Bakteriyel enfeksiyonlar ve sepsis** bağlamında
- Klinisyenin verdiği hasta verilerine dayanarak **if–then (eğer–ise) kuralları** aracılığıyla öneriler üretmiştir.
- Tıpta yapay zekânın erken ve etkili örneklerinden biri olmuştur.
- **Etik, hukuki ve entegrasyon sorunları** nedeniyle rutin klinik kullanıma girmemiştir.

Tedavinin Basamaklandırılması



İntravenöz Tedavi

Başlangıç aşamasında
IV antibiyotik uygulaması



Oral Tedaviye Geçiş

Uygun zamanda oral tedaviye
geçiş kararı



YZ Analizi

Hastanın durumunun sürekli izlenmesi ve
değerlendirilmesi



Tedavi Sonlandırma

Gereksiz antibiyotiklerin
zamanında kesilmesi

Sepsis ve Kritik Bakım Yönetimi

COMPOSER

Conformal Multidimensional Prediction Of Sepsis Risk

- 40 klinik değişkenin analizi
- Yoğun bakım ve acil servislerde %0.95 AUC başarısıyla sepsis riskini öngörmektedir.
- Hastanede mortalite oranlarında %17'lik azalma
- Sepsis paketlerine uyumda %10'luk artış

npj | Digital Medicine

www.nature.com/npjdigitalmed

ARTICLE OPEN



Artificial intelligence sepsis prediction algorithm learns to say “I don’t know”

Supreeth P. Shashikumar¹✉, Gabriel Wardi^{2,3}, Atul Malhotra³ and Shamim Nemati¹✉

Sepsis is a leading cause of morbidity and mortality worldwide. Early identification of sepsis is important as it allows timely administration of potentially life-saving resuscitation and antimicrobial therapy. We present COMPOSER (CONformal Multidimensional Prediction Of SEpsis Risk), a deep learning model for the early prediction of sepsis, specifically designed to reduce false alarms by detecting unfamiliar patients/situations arising from erroneous data, missingness, distributional shift and data drifts. COMPOSER flags these unfamiliar cases as *indeterminate* rather than making spurious predictions. Six patient cohorts (515,720 patients) curated from two healthcare systems in the United States across intensive care units (ICU) and emergency departments (ED) were used to train and externally and temporally validate this model. In a sequential prediction setting, COMPOSER achieved a consistently high area under the curve (AUC) (ICU: 0.925–0.953; ED: 0.938–0.945). Out of over 6 million prediction windows roughly 20% and 8% were identified as *indeterminate* amongst non-septic and septic patients, respectively. COMPOSER provided early warning within a clinically actionable timeframe (ICU: 12.2 [3.2 22.8] and ED: 2.1 [0.8 4.5] hours prior to first antibiotics order) across all six cohorts, thus allowing for identification and prioritization of patients at high risk for sepsis.

npj Digital Medicine (2021)4:134; <https://doi.org/10.1038/s41746-021-00504-6>

Sepsis ve Kritik Bakım Yönetimi

COMPOSER

Conformal Multi-Task
Prediction Of Sepsis

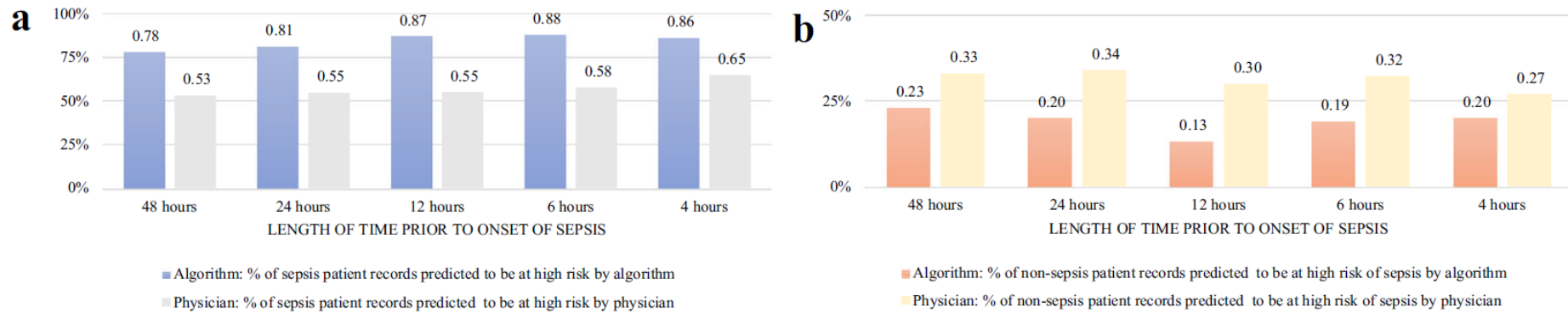


Fig. 3 Comparing the performance of the SERA algorithm vs. physician. **a** The bars represent the percentage of sepsis patient records correctly flagged as having a high risk of sepsis (likely to have sepsis) by either the algorithm or physicians. The chart compares the true positive rate of the algorithm's prediction at different lengths of time before the onset of sepsis against the true positive rate of physicians' prediction in the hospital. **b** The bars represent the percentage of non-sepsis patient records erroneously flagged as having a high risk of sepsis (likely to have sepsis) by either the algorithm or physicians. The chart compares the false-positive rate of the algorithm's prediction at different lengths of time before the onset of sepsis against the false-positive rate of physicians' prediction in the hospital.

uyumda %10'lük artış

Sepsis ve Kritik Bakım Yönetimi

COMI

Confor
Predict

40 klini
Yoğun b
%0.95 A
riskini ö

- Hastanede n
oranlarında
azalma

- Sepsis pake
uyumda %1

[nature](#) > [nature machine intelligence](#) > [articles](#) > article

Article | Published: 06 April 2023

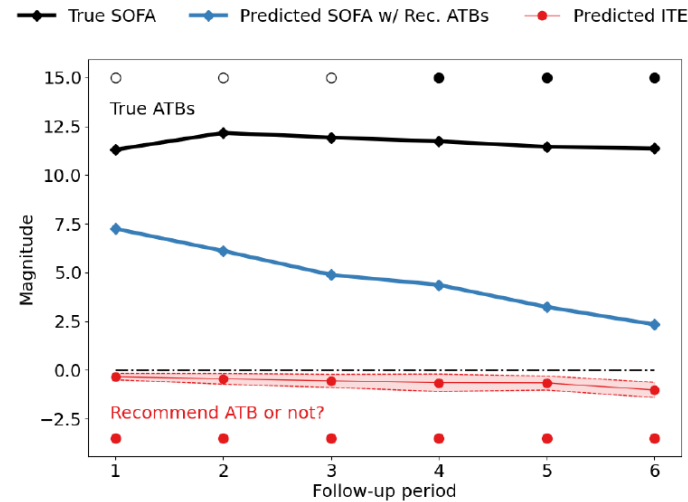
Estimating treatment effects for time-to-treatment

ant

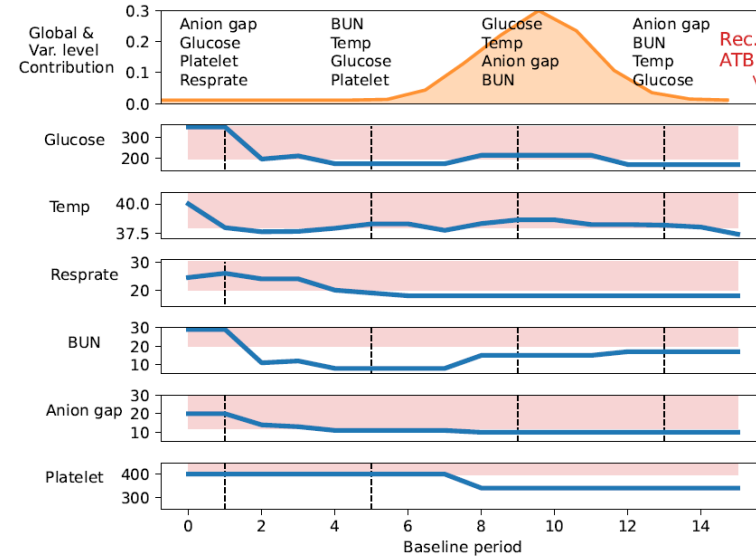
[Ruoqi](#)

[Nature](#)

2973



(a)



(b)

Figure 5. The case study of a patient for treatment recommendation and model interpretability. In Fig. 5(a), the predicted values of ITEs (red line with shadowed area denoting the uncertainty estimates) for antibiotic (ATB) recommendation. An ATB will be recommended to the patient if the upper bound of predicted ITE is lower than zero and will not be recommended if the lower bound of predicted ITE is higher than zero, where zero is the threshold for determining whether to recommend ATBs. In Fig. 5(b), the most important global baseline timestamps (orange area) and variables contributing to the treatment recommendation are denoted at the top subplot. An ATB is recommended at the end of the baseline period.

a
m
öneriler

Moni- ICU

Fully Automated Surveillance of Healthcare-Associated Infections with MONI-ICU

A Breakthrough in Clinical Infection Surveillance

A. Blacky¹; H. Mandl²; K.-P. Adlassnig^{2,3}; W. Koller¹

¹Clinical Institute of Hospital Hygiene, Medical University of Vienna and Vienna General Hospital, Austria;

²Medexter Healthcare GmbH, Vienna, Austria;

³Section for Medical Expert and Knowledge-Based Systems, Center for Medical Statistics, Informatics, and Intelligent Systems, Medical University of Vienna, Austria

- YBÜ hasta veri yönetim sistemleri (PDMS), mikrobiyoloji laboratuvar bilgi sistemi (LIS) ve hastane bilgi sistemi (HIS)
- Klinik enfeksiyon kriterleri, **HL7 tarafından standartlaştırılmış Arden Syntax** dili ile kodlanmış.
- Bulanık mantık (fuzzy logic)
- **HELICS/ECDC** ve **CDC** tanımları

Moni- ICU

Fully Automated Surveillance of Healthcare-Associated Infections with MONI-ICU

A Breakthrough in Clinical Infection Surveillance

A. Blacky¹; H. Mandl²; K.-P. Adlassnig^{2,3}; W. Koller¹

¹Clinical Institute of Hospital Hygiene, Medical University of Vienna and Vienna General Hospital, Austria;

²Medexter Healthcare GmbH, Vienna, Austria;

³Section for Medical Expert and Knowledge-Based Systems, Center for Medical Statistics, Informatics, and Intelligent Systems, Medical University of Vienna, Austria

- 99 hasta kabulü

- Toplam 1007 hasta günü

İncelenen Türler:

Bakteriyemi (BSI), santral kateter ilişkili enfeksiyon (CR enfeksiyonu (UTI)

Bulgular

Duyarlılık (Sensitivity): %90,3 (28/31 vaka)

Özgüllük (Specificity): %100 (yalancı pozitif yok)

Genel Doğruluk: %97

Kaçırılan Vakalar:

Üç vaka, düzeltilebilir teknik veri aktarım hatalarına

Verimlilik Kazancı

Manuel süveyans:

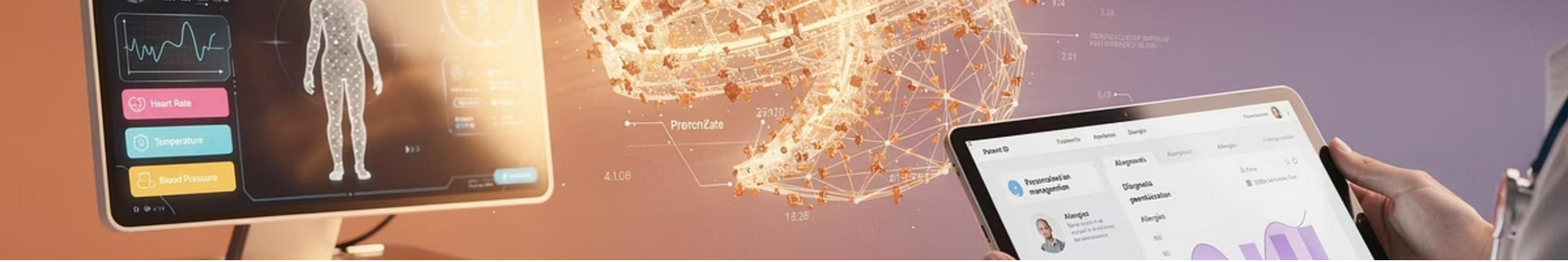
52 vizitte toplam 82,5 saat

MONI-ICU ile:

Aynı hasta grubu için 12,5 saat

Zaman tasarrufu:

Yaklaşık %85 azalma (manuel sürenin %15,2'si)



YZ Modellerinin Antibiyoterapide Üç Temel Uygulama Alanı

01

Ampirik Antibiyotik Seçimi

02

Dozaj Optimizasyonu

03

Antibiyotik Yönetimi

Kişiselleştirilmiş Antibiyogramlar



HHS Public Access

Author manuscript

Sci Transl Med. Author manuscript; available in PMC 2022 October 03.

Published in final edited form as:

Sci Transl Med. 2020 November 04; 12(568): . doi:10.1126/scitranslmed.aav5067

A decision algorithm to promote outpatient antibiotic stewardship for uncomplicated urinary tract infections

Sanjat Kanjilal^{1,2}, Michael Oberst³, Sooraj Boominathan⁴, David Sontag^{3,*}

¹Harvard Medical School and Harvard Pilgrim Medical Center, Boston, MA 02215

²Brigham & Women's Hospital, Division of Infectious Diseases, Boston, MA 02115

³Massachusetts Institute of Technology, Institute for Data Science and Health, Cambridge, MA 02139.

⁴Carnegie Mellon University, Department of Computer Science, Pittsburgh, PA 15213

⁵Massachusetts General Hospital, Division of Infectious Diseases, Boston, MA 02115

Geniş spektrumlu ab kullanımı %67 ve Uygunsuz tedavi oranı %18 daha düşük

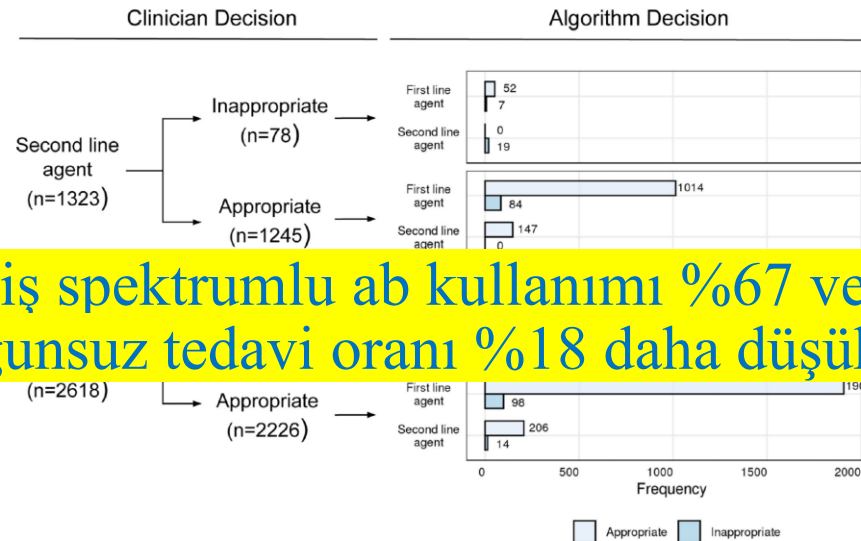


Figure 4: Post hoc analysis of clinician vs algorithm therapy decisions and appropriateness in patients with uncomplicated UTI presenting between 2014 and 2016. Appropriate therapy was defined as the choice of an empiric antibiotic that has *in vitro* activity against the pathogen, whereas inappropriate therapy was defined as the choice of an empiric antibiotic that has no *in vitro* activity against the pathogen.

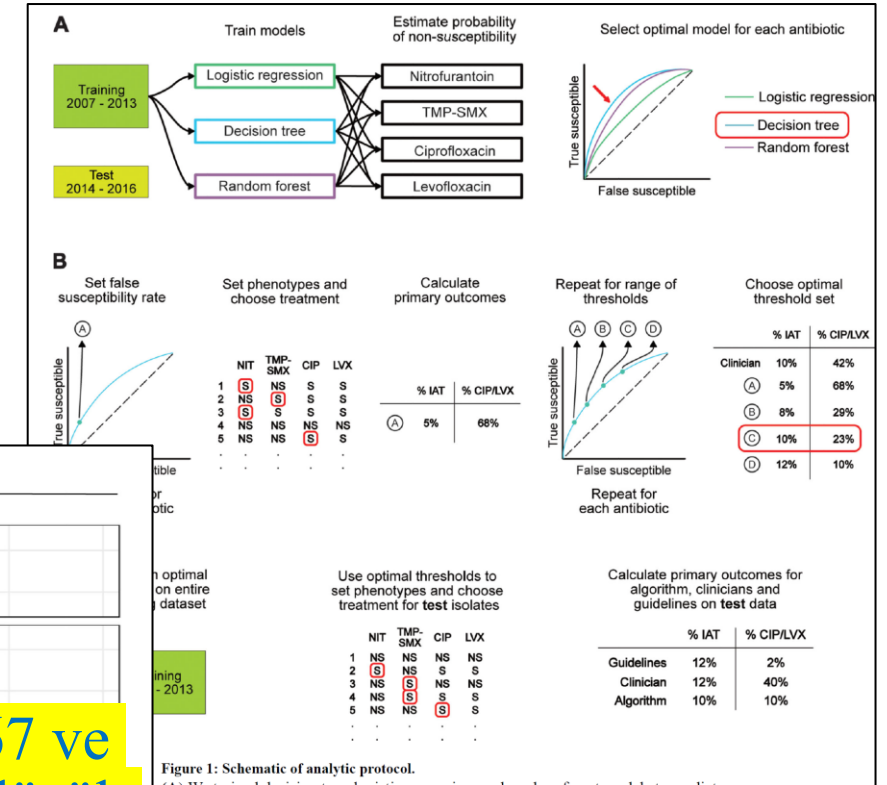


Figure 1: Schematic of analytic protocol.

Kişiselleştirilmiş Antibiyogramlar

nature
medicine

ARTICLES

<https://doi.org/10.1038/s41591-019-0503-6>

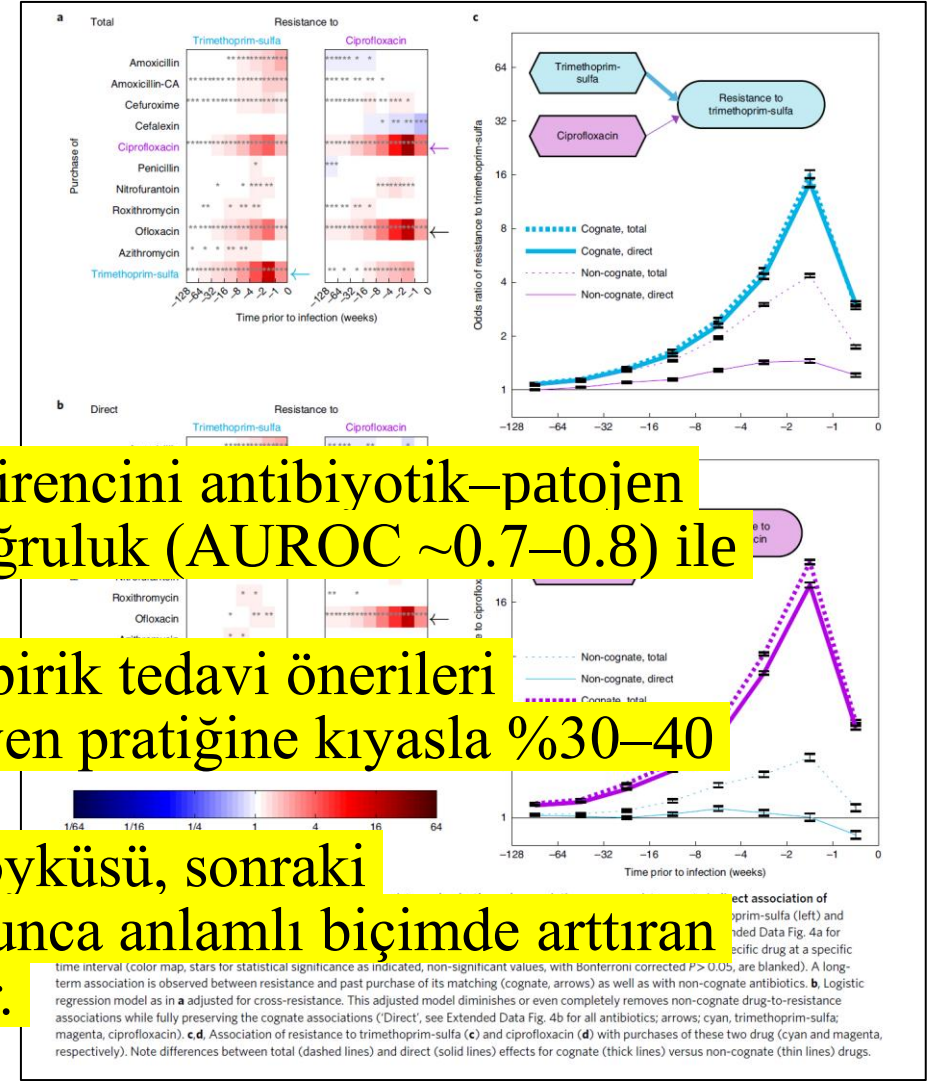
Personal clinical history predicts resistance of urinary tract infections

Idan Yelin¹, Olga Snitko¹, Gabriel Chodick^{1,3,6}, Gidon Goldfarb¹

Makine öğrenmesi modeli, antibiyotik direncini antibiyotik–patojen çiftine bağlı olarak yaklaşık %70–80 doğruluk (AUROC ~0.7–0.8) ile öngörebilmiştir.

- Retrospektif simülasyonda, modelin empirik tedavi önerileri uygunsuz antibiyotik kullanımını klinisyen pratiğine kıyasla %30–40 oranında azaltmıştır.
- Önceki antibiyotik kullanımı ve direnç öyküsü, sonraki enfeksiyonlarda direnç riskini aylar boyunca anlamlı biçimde artıran güçlü bir belirleyici olarak gösterilmiştir.

(x axis; see Supplementary Fig. 2 for all antibiotics and more formal definitions). At $P^{\text{model}} = 1$ the risk of sample resistance equals the population-wide risk of resistance (dotted red line). Setting $P^{\text{model}} = 0.12$ would permit treatment of 75% of these infections with much reduced risk of resistance compared with the population-wide risk (48% reduction, down-pointing arrow). **b**, Differentiation between samples resistant to cefuroxime axetil and sensitive to nitrofurantoin (red) and vice versa (blue) by their model-assigned resistance probabilities (OR of 3.9 for red points below the diagonal and blue points above it; $P < 10^{-100}$, Fisher's exact test; see Supplementary Fig. 3 for all pairs of antibiotics). **c**, Physician's frequency of mismatched prescriptions across all SDET cases (dark bar) was slightly better than the null expectation for randomly prescribing drugs with equal probabilities (random 'dice', magenta dashed, $P < 10^{-10}$) or for randomly permuting the physicians' prescriptions (random permutations, cyan dashed, $P = 2.5 \times 10^{-10}$). These mismatch treatment rates were substantially reduced by the machine-learning (ML)-based recommendations (light bars), either unconstrained (magenta hatched, $P < 10^{-10}$) or constrained to recommend drugs at the exact same frequencies prescribed by the physicians (cyan hatched, $P < 10^{-10}$). **d**, Top, distribution of the drugs prescribed by the physicians (dark bar), by the constrained algorithm (cyan-hatched light bar, constrained to be equal to the physician's) and by the unconstrained algorithm (magenta-hatched light bar). Bottom, for each of these prescription models, the frequency of mismatched treatment for each of the drugs is indicated, normalized by the expected mismatch frequency for random drug prescription (the average rate of resistance to the drug across the SDET population).



Yapay Zekâ ve Antibiyoterapi

- 5.190 hastane yatışına ait gerçek yaşam verileri
- Gradient Boosted Decision Tree ve SHAP
- Model, yaygın antibiyotiklere karşı antimikrobiyal direnci ROC-AUC 0.78–0.99 aralığında yüksek doğrulukla öngörebilmiştir.
- Düşük belirsizlik (Gini impurity) içeren tahminlerin klinik doğruluğu belirgin olarak daha yüksek
- Geçmiş laboratuvar direnç sonuçları, mevcut direnç durumunun en güçlü belirleyicisi
- AI destekli reçeteleme simülasyonları, gerçek klinik uygulamalara kıyasla hatalı antibiyotik eşleşmelerini anlamlı düzeyde azaltmıştır.

PLOS DIGITAL HEALTH

RESEARCH ARTICLE

Informing antimicrobial stewardship with explainable AI

Massimo Cavallaro^{1,2*}, Ed Moran³, Benjamin Collyer⁴, Noel D. McCarthy^{5,6}, Christopher Green^{7,8}, Matt J. Keeling^{1,2}

YZ Klinik pratięi dönüştürebilir mi?

Research

JAMA Surgery | Original Investigation

Improving Empiric Antibiotic Selection for Patients

Research

JAMA | Original Investigation

Stewardship Prompts to Improve Antibiotic Selection for Pneumonia
The INSPIRE Randomized Clinical Trial

Research

JAMA | Original Investigation

Stewardship Prompts to Improve Antibiotic Selection
for Urinary Tract Infection
The INSPIRE Randomized Clinical Trial

CPOE (computerized provider order entry) sistemleri kullanılarak geniş spektrumlu antibiyotik kullanım günü azaltılması:

- Pnömoni için: %28,4
- İdrar yolu enfeksiyonu için: %17,4
- Abdominal enfeksiyonda rölatif: %35

Vankomisin ve anti-pseudomonal penisilin kullanımında da benzer düşüş (%32 ve %17-21)

L. Hayley Burgess, PharmD; Micaela H. Coady, MS; Edward Rosen, BA; Selsebil Sijivo, MPH; Kenneth E. Sands, MD, MPH; Julia Moody, MS; Justin Vigeant, BA; Syma Rashid, MD; Rebecca F. Gilbert, BA; Kim N. Smith, MBA; Brandon Carver, BA; Russell E. Poland, PhD; Jason Hickok, MBA; S. G. Sturdevant, PhD; Michael S. Calderwood, MD, MPH; Anastasiia Weiland, MD; David W. Kubiak, PharmD; Sujay Reddy, MD, MSc; Melinda M. Neuhauser, PharmD, MPH; Ariun Srinivasan, MD; John A. Lennigan, MD, MS; Mary K. Hayden, MD; Abhinav Gowda, BS

YBÜ transfer oranları, hastane kalış süresi ve mortalite oranlarında gruplar arasında fark yok!

Klinik Uygulamalar

npj | antimicrobials & resistance

Article



<https://doi.org/10.1038/s44259-025-00146-8>

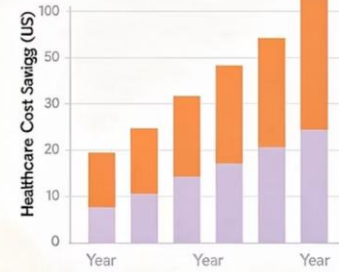
A mixed methods evaluation of an antimicrobial prescribing clinical decision support system app

Check for updates

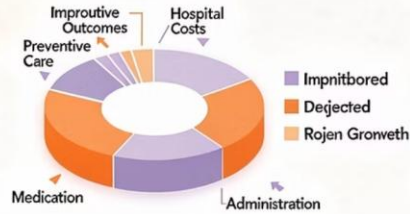
William J. Waldock¹✉, Mark Gilchrist^{1,2}, Hutan Ashrafian¹, Ara Darzi^{1,3} & Bryony Dean Franklin^{2,3,4}

Eolas Medical ve MicroGuide gibi uygulamalar
Destek bilişim sistemi

Healthcare Cost Savings



Economic Impact Over Time



Return on Investment



Klinik Uygulamalar

JMIR MEDICAL INFORMATICS

Herter et al

Original Paper

Impact of a Machine Learning–Based Decision Support System for Urinary Tract Infections: Prospective Observational Study in 36 Primary Care Practices

Willem Ernst Herter^{1,2}, BSc; Janine Khuc², MSc; Giovanni Cinà², MSc, PhD; Bart J Knottnerus³, MSc, MD, PhD; Mattijs E Numans¹, MSc, MD, PhD, Prof Dr; Maryse A Wiewel^{1,2}, MSc, MD, PhD; Tobias N Bonten¹, MSc, MD, PhD; Daan P de Bruin², MSc; Thamar van Esch³, MSc, PhD; Niels H Chavannes¹, MSc, MD, PhD, Prof Dr; Robert A Verheij³, PhD, Prof Dr

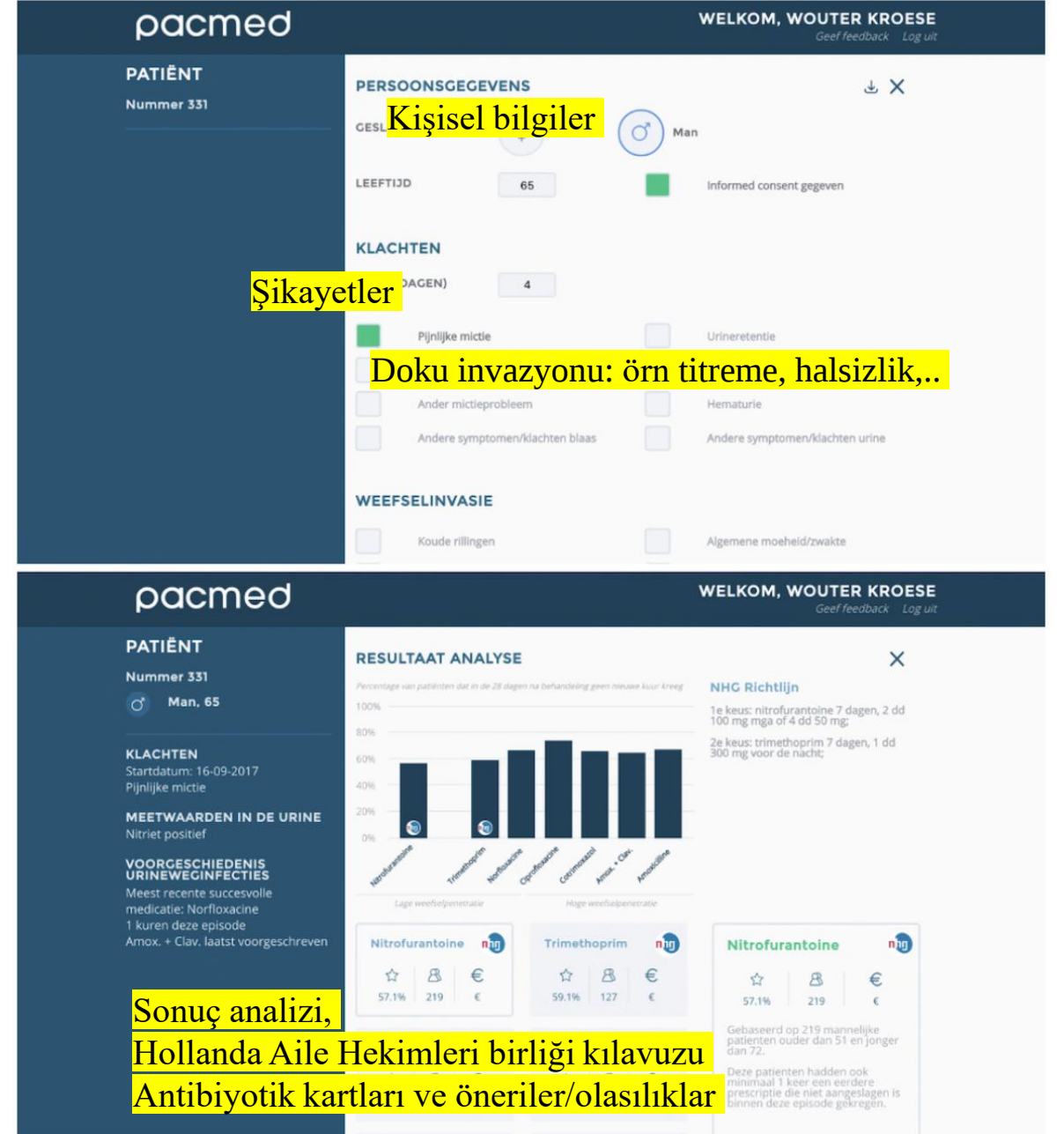
¹Department of Public Health and Primary Care, Leiden University Medical Center, Leiden, Netherlands

²Pacmed, Amsterdam, Netherlands

³Nivel Netherlands Institute for Health Services Research, Utrecht, Netherlands

İYE vakalarında tedavi başarı oranını %75'ten %85'e çıkarmıştır.

Figure 1. Decision support software: interface to enter patient characteristics (top); presentation of expected outcomes and NHG (Dutch College of General Practitioners) guidelines (bottom).



Yapay Zekânın Klinik Performansı

Tanısal başarı:

ChatGPT-4, kan dolaşımı enfeksiyonlarında (BSI) olguların yaklaşık %80’inde klinik olarak tatmin edici tanısal yaklaşım sunabilmiştir.

Tedavi doğruluğu:

Ampirik antibiyotik seçimi doğruluğu %64 düzeyinde kalmış; tanıya kıyasla tedavide performansın daha sınırlı olduğu görülmüştür.

Bilgi düzeyi:

Teorik tıbbi bilgi ve açık uçlu klinik sorularda, YZ modelleri uzman hekimlerle kıyaslanabilir performans sergileyebilmektedir.



Review

The Role of ChatGPT and AI Chatbots in Optimizing Antibiotic Therapy: A Comprehensive Narrative Review

Ninel Iacobus Antonie ^{1,2}, Gina Gheorghe ^{1,2,*}, Vlad Alexandru Ionescu ^{1,2}, Loredana-Crista Tiucă ^{1,2} and Camelia Cristina Diaconu ^{1,2,3} 

Yapay Zekânın Klinik Performansı

Infection (2025) 53:873–881
<https://doi.org/10.1007/s15010-024-02350-6>

RESEARCH



Soru Seti:

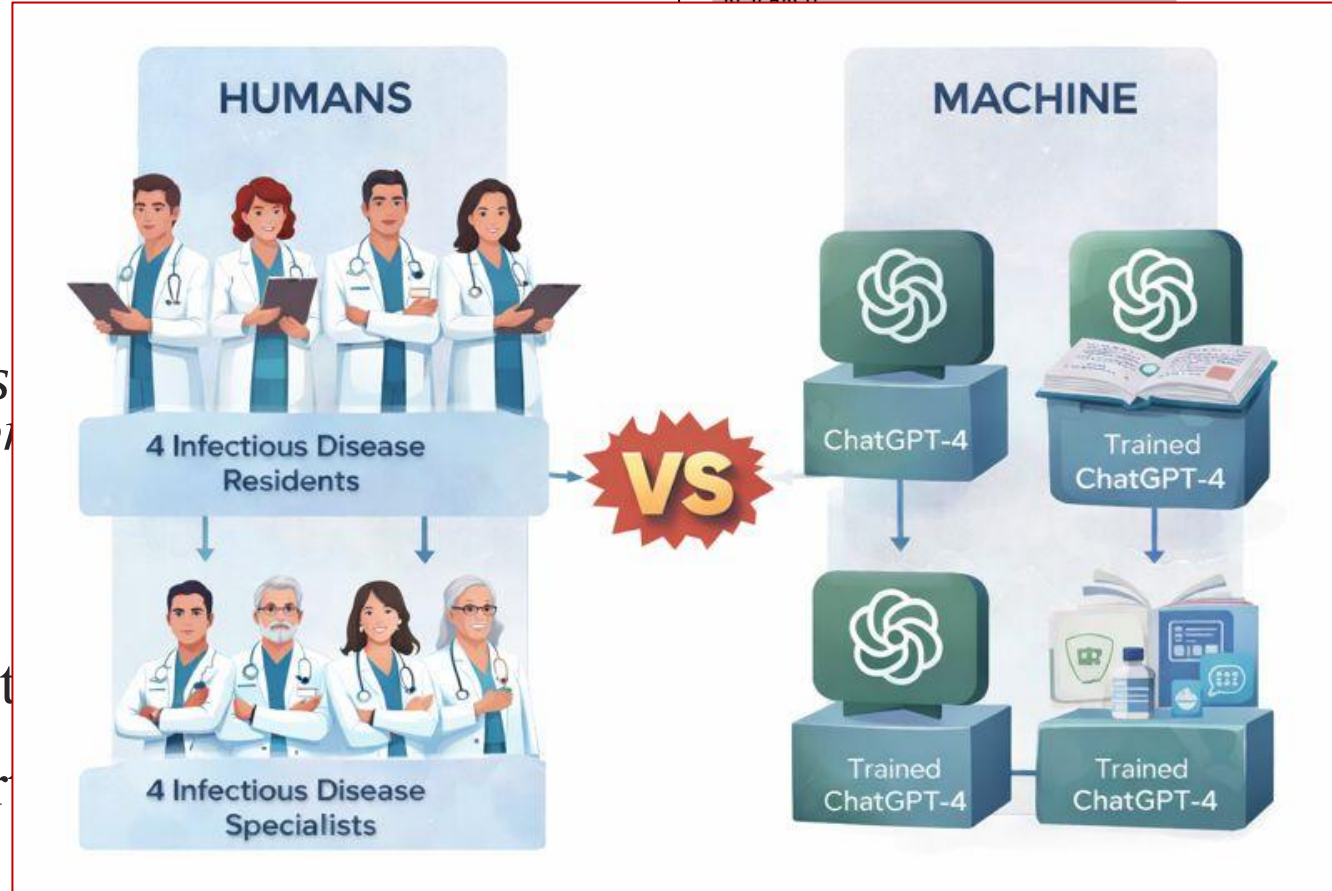
- Toplamda 72 soru;
- *Endokardit, pnömoni, intraabdominal enfeksiyon, kan dolaşımı enfeksiyonu*

Katılımcı Grupları:

- Dört son sene EH asistanı
- 3-10 yıl deneyimli dört

VS

- Standart ChatGPT-4 ve
- uluslararası rehberler/meta-analizlerle optimize edilmiş "eğitilmiş" ChatGPT-4



Descriptive accuracy
infectious diseases

Pro^{5,6} · Giorgia Caruana^{7,8} ·
ne¹⁰ · Emmanuele Venanzi Rullo¹¹ ·
eo Faltoni⁹ · Giuseppe Nunnari⁴ ·
Vaira¹² · Giordano Madeddu¹

Yapay Zekânın Klinik Performansı

Teorik Bilgi:

- Doğru/yanlış sorularında tüm gruplar %70 civarında benzer başarı
- Açık uçlu sorularda ChatGPT-4 versiyonları, hem uzmanlardan hem de asistanlardan daha doğru ve kapsamlı yanıtlar vermiştir.

Klinik Vaka Yönetimi ve Direnç Analizi:

- ChatGPT-4, antibiyogram üzerinden direnç mekanizmalarını tanımda standart versiyonuyla zorlanırken,
- Eğitilmiş versiyonu uzmanlarla benzer performans sergilemiştir.

Infection (2025) 53:873–881

<https://doi.org/10.1007/s15010-024-02350-6>

RESEARCH



Assessing ChatGPT's theoretical knowledge and prescriptive accuracy in bacterial infections: a comparative study with infectious diseases residents and specialists

Andrea De Vito^{1,13} · Nicholas Geremia^{2,3} · Andrea Marino⁴ · Davide Fiore Bavaro^{5,6} · Giorgia Caruana^{7,8} · Marianna Meschiari⁹ · Agnese Colpani¹ · Maria Mazzitelli¹⁰ · Vincenzo Scaglione¹⁰ · Emanuele Venanzi Rullo¹¹ · Vito Fiore¹ · Marco Fois¹ · Edoardo Campanella^{4,11} · Eugenia Pistrà^{4,11} · Matteo Faltoni⁹ · Giuseppe Nunnari⁴ · Annamaria Cattelan¹⁰ · Cristina Mussini⁹ · Michele Bartoletti^{5,6} · Luigi Angelo Vaira¹² · Giordano Madeddu¹

Received: 30 May 2024 / Accepted: 6 July 2024 / Published online: 12 July 2024
© The Author(s) 2024

Yapay Zekânın Klinik Performansı

Tedavi seçimi ve Güncellik:

- Yapay zeka modellerinin, cefiderocol veya imipenem/relebactam gibi yeni nesil antibiyotikler yerine kolistin gibi *daha eski ve toksik* seçenekleri tercih etme eğiliminde olduğu saptanmıştır.
- Ayrıca, ChatGPT-4'ün önerdiği tedavi sürelerinin uzman kararlarına göre anlamlı derecede daha uzun (overtreatment) olduğu gözlemlenmiştir (p=0.022)

Infection (2025) 53:873–881
<https://doi.org/10.1007/s15010-024-02350-6>

RESEARCH



Assessing ChatGPT's theoretical knowledge and prescriptive accuracy in bacterial infections: a comparative study with infectious diseases residents and specialists

Andrea De Vito^{1,13} · Nicholas Geremia^{2,3} · Andrea Marino⁴ · Davide Fiore Bavaro^{5,6} · Giorgia Caruana^{7,8} · Marianna Meschiari⁹ · Agnese Colpani¹ · Maria Mazzitelli¹⁰ · Vincenzo Scaglione¹⁰ · Emmanuele Venanzi Rullo¹¹ · Vito Fiore¹ · Marco Fois¹ · Edoardo Campanella^{4,11} · Eugenia Pistarà^{4,11} · Matteo Faltoni⁹ · Giuseppe Nunnari⁴ · Annamaria Cattelan¹⁰ · Cristina Mussini⁹ · Michele Bartoletti^{5,6} · Luigi Angelo Vaira¹² · Giordano Madeddu¹

Received: 30 May 2024 / Accepted: 6 July 2024 / Published online: 12 July 2024
© The Author(s) 2024

Let's Have a Chat: How Well Does an Artificial Intelligence Chatbot Answer Clinical Infectious Diseases Pharmacotherapy Questions?

Wesley D. Kufel,^{1,2,3} Kathleen D. Hanrahan,² Robert W. Seabury,^{2,3} Katie A. Parsels,² Jason C. Gallagher,⁴ Conan MacDougall,⁵ Elizabeth W. Covington,⁶ Elias B. Chahine,⁷ Rachel S. Britt,⁸ and Jeffrey M. Steele^{2,3}

¹School of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, Binghamton University, Binghamton, New York, USA, ²State University of New York Upstate University Hospital, Syracuse, New York, USA, ³State University of New York Upstate Medical University, Syracuse, New York, USA, ⁴School of Pharmacy, Temple University, Philadelphia, Pennsylvania, USA, ⁵School of Pharmacy, University of California San Francisco, San Francisco, California, USA, ⁶Harrison College of Pharmacy, Auburn University, Auburn, Alabama, USA, ⁷School of Pharmacy, Palm Beach Atlantic University Gregory, West Palm Beach, Florida, USA, and ⁸University of Texas Medical Branch at Galveston, Galveston, Texas, USA

Enfeksiyon Hastalıkları Farmakoterapisi:

- 5 enfeksiyon hastalıkları eczacısı (SME) ile yürütülen kesitsel bir anket çalışması
- 100 farklı soru (gerçek klinik senaryoları yansıtan)

Let's Have a Chat: How Well Does an Artificial Intelligence Chatbot Answer Clinical Infectious Diseases Pharmacotherapy Questions?

Wesley D. Kufel,^{1,2,3} Kathleen D. Hanrahan,² Robert W. Seabury,^{2,3} Katie A. Parsels,² Jason C. Gallagher,⁴ Conan MacDougall,⁵ Elizabeth W. Covington,⁶ Elias B. Chahine,⁷ Rachel S. Britt,⁸ and Jeffrey M. Steele^{2,3}

¹School of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, Binghamton University, Binghamton, New York, USA, ²State University of New York Upstate University Hospital, Syracuse, New York, USA, ³State University of New York Upstate Medical University, Syracuse, New York, USA, ⁴School of Pharmacy, Temple University, Philadelphia, Pennsylvania, USA, ⁵School of Pharmacy, University of California San Francisco, San Francisco, California, USA, ⁶Harrison College of Pharmacy, Auburn University, Auburn, Alabama, USA, ⁷School of Pharmacy, Palm Beach Atlantic University Gregory, West Palm Beach, Florida, USA, and ⁸University of Texas Medical Branch at Galveston, Galveston, Texas, USA

- 1. Düşük Klinik Kullanışlılık:** Uzmanlar, ChatGPT tarafından üretilen yanıtların yalnızca %41,8'ini klinik olarak kullanışlı bulmuştur.
- 2. Parametrik Performans:** Yanıtların doğruluk medyan puanı 7 (IQR: 4–9), güvenlik puanı 8 (IQR: 4–10) iken, en düşük performans tamlik/kapsam (medyan 5, IQR: 3–8) alanında görülmüştür.
- 3. Zorluk Derecesi ile İlişki:** Soruların zorluk derecesi arttıkça, ChatGPT'nin verdiği yanıtların güvenlik puanlarında anlamlı bir düşüş gözlemlenmiştir (p=0.008)
- 4. Uzman Danışmanlığı Önerisi:** ChatGPT-3.5, 100 yanıtın 67'sinde kullanıcıya bir enfeksiyon hastalıkları uzmanına veya sağlık profesyoneline danışmasını önermiştir

- Toplam **200 soru**
(Sosyal medya, klinik rehberler)

- Değerlendirme 2 uzman ile yapılmış.

- En yüksek doğruluk: **Tüberküloz (%90)**
- En düşük doğruluk: **Üriner sistem enfeksiyonları (%72)**

- Sosyal medya soruları: **%92,5** oranında 1 puan
- Rehber soruları: **%69,2** oranında 1 puan

(Bu fark istatistiksel olarak anlamlıdır ($p=0,001$; $OR=5,48$))

How Reliable is ChatGPT as a Novel Consultant in Infectious Diseases and Clinical Microbiology?

Gülşah Tunçer¹, Kadir Gökem Güçlü²

¹ Bilecik Training and Research Hospital, Bilecik, Türkiye,

² İstanbul Haseki Training and Research Hospital, İstanbul, Türkiye

Olgu:

□ Hasta Bilgileri

68 yaşında erkek

HT,tip 2 DM

3 ay önce iskemik inme → yutma refleksi zayıf

Son 10 gündür bakım evinde kalıyor

Olgu:

☐ Hasta Bilgileri

68 yaşında erkek

HT,tip 2 DM

3 ay önce iskemik inme → yutma refleksi zayıf

Son 10 gündür bakım evinde kalıyor

☐ Başvuru Şikâyeti:

2 gündür

Ateş (38.6 °C)

Artan solunum sıkıntısı

Bilinçte dalgalanma

Olgu:

☐ Hasta Bilgileri

68 yaşında erkek

HT,tip 2 DM

3 ay önce iskemik inme → yutma refleksi zayıf

Son 10 gündür bakım evinde kalıyor

☐ Başvuru Şikâyeti:

2 gündür:Ateş (38.6 °C)

Artan solunum sıkıntısı

Bilinçte dalgalanma

☐ Fizik Muayene

TA: 95/60 mmHg

Nabız: 112/dk

Solunum sayısı: 26/dkSpO₂: %90 (oda havasında)

Akciğer oskültasyonu: sağ alt zonda ral

GKS: 13

Olgu:

☐ Hasta Bilgileri

68 yaşında erkek

HT,tip 2 DM

3 ay önce iskemik inme → yutma

refleksi zayıf

Son 10 gündür bakım evinde kalıyor

☐ Başvuru Şikâyeti:

2 gündür:Ateş (38.6 °C)

Artan solunum sıkıntısı

Bilinçte dalgalanma

☐ Fizik Muayene

TA: 95/60 mmHgNabız: 112/dkSolunum

sayısı: 26/dkSpO₂: %90 (oda

havasında)Akciğer oskültasyonu: sağ alt

zonda ral

GKS: 13

☐ Laboratuvar

Lökosit: 17.800 /mm³

CRP: 212 mg/L

Prokalsitonin: 6.4 ng/mL

Kreatinin: 1.9 mg/dL (bazal 1.1)

☐ Görüntüleme

Akciğer grafisi: sağ alt lobda
konsolidasyon

Toraks BT: aspirasyon ile uyumlu
infiltrasyonlar

☐ Mikrobiyolojik Öykü

6 ay önce:Klebsiella pneumoniae ile
idrar yolu enfeksiyonu ESBL (+)

Bakım evinde son 1 ayda:2 kez oral
antibiyotik (amoksisilin-klavulanat)

 Medscape AI

infection caused by ESBL-producing *Klebsiella pneumoniae*, and in the past month he received two courses of oral amoxicillin–clavulanate at the nursing facility. What is the most likely diagnosis and what empiric antibiotic therapy would you recommend, with a brief justification?

This presentation is most consistent with nursing home–acquired aspiration pneumonia complicated by sepsis and risk factors for resistant Gram-negative pathogens (prior ESBL *Klebsiella* UTI, recent β -lactam exposure, and residence in a long-term care facility).

Empiric Antibiotic Choice**Imipenem/cilastatin plus vancomycin**

- Imipenem/cilastatin provides broad-spectrum coverage including ESBL-producing Enterobacterales (eg, *Klebsiella pneumoniae*), **Pseudomonas aeruginosa**, typical community bacteria, and anaerobes commonly implicated in aspiration events.
- Vancomycin adds empiric coverage against methicillin-resistant **Staphylococcus aureus** (MRSA), which may be encountered in health-care–associated pneumonias.

Justification

- In patients with aspiration pneumonia who appear toxic (eg, hypotension, tachycardia, altered mentation) and who have risk factors for resistant organisms (recent hospitalization or long-term care residence, prior ESBL infection, recent antibiotic courses), guidelines recommend broadening empirical coverage to include Gram-negative bacilli (including **P. aeruginosa** and ESBL producers), MRSA, and anaerobes ¹.
- Imipenem/cilastatin alone covers anaerobes and ESBL producers and has anti-pseudomonal activity; vancomycin covers MRSA. Adjust therapy based on culture results and organ function.

 References

- 1 [Aspiration pneumonitis and pneumonia : overview of antimicrobial therapy.](#)

+ New Question

A 68-year-old man with diabetes mellitus, and a in impaired swallowing

The most likely diagnosis is health the patient's nursing home reside therapy should cover MRSA, Pseu of multidrug-resistant pathogens. 12 hours (adjusted for renal functi (adjusted for renal function). If pip cefepime 2 g IV every 8 hours (ac every 8 hours for anaerobic cover and de-escalate based on culture

Clinical diagnosis

The most likely diagnosis is health supported by:

- Nursing home residence: Incre
- Dysphagia from stroke: Strong
- Recent antibiotic exposure: Tv ESBL-producing organisms 5.
- Clinical presentation: Fever, hypoxemia, leukocytosis, elevated CRP/procalcitonin, and right lower lobe consolidation on imaging 4.

References

★ Top Journal

BTS clinical statement on aspiration pneumonia
Thorax, 2023

★ Top Journal

Community-acquired pneumonia
Lancet, 2021

1 Guideline

Management of adults with hospital-acquired and ventilator-associated pneumonia: 2016 clinical practice guidelines by the Infectious Diseases Society of America and the American Thoracic Society
Clinical Infectious Diseases, 2016

2 Guideline

International ERS / ESICM / ESCMID / ALAT guidelines for the management of hospital-acquired pneumonia and ventilator-associated pneumonia: guidelines for the management of hospital-acquired pneumonia (HAP) / ventilator-associated pneumonia (VAP) of the European Respiratory Society (ERS), European Society of Intensive Care Medicine (ESICM), European society of clinical microbiology and infectious diseases (ESCMID) and asociación latinoamericana del Tórax (ALAT)
The European Respiratory Journal, 2017

3 Guideline

Guide to utilization of the microbiology laboratory for diagnosis of infectious diseases: 2024 update by the Infectious Diseases Society of America (IDSA) and the American Society for Microbiology (ASM)
Clinical Infectious Diseases, 2024

Show 4 more references

Empiric antibiotic therapy

Given the high risk of MDR pathogens, empiric therapy should cover MRSA, Pseudomonas, and ESBL-producing organisms:

Recommended empiric therapy	
	Vancomycin 15 mg/kg IV every 12 hours (adjust for renal function)
aeruginosa	Piperacillin-tazobactam 4.5 g IV every 6 hours (adjust for renal function)
ng	Piperacillin-tazobactam 4.5 g IV every 6 hours (adjust for renal function)
	Metronidazole 500 mg IV every 8 hours (if piperacillin-tazobactam is not used)

ded regimen

ycin 15 mg/kg IV every 12 hours (adjust for renal function) .
lin-tazobactam 4.5 g IV every 6 hours (adjust for renal function) .

regimen (if piperacillin-tazobactam is unavailable or contraindicated)

e 2 g IV every 8 hours (adjust for renal function) .
azole 500 mg IV every 8 hours .

for antibiotic selection

ycin: Covers MRSA, which is common in healthcare-associated pneumonia 1 .
lin-tazobactam: Covers Pseudomonas and ESBL-producing organisms, Klebsiella pneumoniae.
azole: Added if piperacillin-tazobactam is not used to ensure anaerobic 3 .

l clinical considerations

cultures: Blood and sputum cultures should be obtained before initiating cs to guide de-escalation 3 .
renal function: Adjust antibiotic dosing for acute kidney injury 6 .

- De-escalation: Narrow antibiotic therapy based on culture results and clinical response to minimize resistance and toxicity 7 .

The most likely diagnosis is healthcare-associated aspiration pneumonia with sepsis. Empiric therapy should cover MRSA, Pseudomonas, and ESBL-producing organisms using vancomycin plus piperacillin-tazobactam, with cultures obtained before antibiotics and therapy de-escalated based on results and clinical response 1 2 3 .



We're sorry, OpenEvidence is not available
in your country at this time.

 ChatGPT 5.2 

 New chat

 Search chats

 Images

NEW

 Apps

 Codex

 Projects

GPTs

 Photo Realistic Image and Video...

 CanvasPRO - Slides & Presentations...

 Monday

 Explore GPTs

Your chats

Aspirasyon pnömonisi tedavisi

Sunum Eleştirisi ve Öneriler

Hastane ortamı görseli

Yapay Zeka ve Klinik Karar

Translation request

Turing makinesi açıklaması

Konotrink makinesi anlatımı

Genetik algoritmalar nedir

McCulloch Pitts modeli

Yapay zeka ve istatistik farkı

Çok katmanlı sinir ağları

En olası tanı:

Aspirasyon pnömonisi kaynaklı ağır sepsis / septik şok (sağ alt lob), çok ilaca dirençli (MDR) etken riski yüksek.

Gerekçe (tanı):

- Ateş, hipotansiyon, taşikardi, taşipne, bilinç dalgalanması ve AKI → sepsis bulguları.
- Yutma bozukluğu (inme sonrası), sağ alt lob konsolidasyonu → aspirasyon pnömonisi.
- Bakım evi öyküsü, son 1 ayda tekrarlayan antibiyotik kullanımı, 6 ay önce ESBL üreten Klebsiella öyküsü → MDR/ESBL Gram-negatif ve anaerob etken riski yüksek.

Önerilen ampirik antibiyotik tedavisi:

- Meropenem IV (tercihen 1 g 8 saatte bir; böbrek fonksiyonuna göre doz ayarı)
± Vancomycin IV (MRSA riski klinik/epidemiyolojik olarak düşünülüyorsa)

Gerekçe (tedavi):

- Meropenem, ESBL üreten Enterobacterales (Klebsiella dahil) ve anaerobları kapsar; aspirasyon pnömonisinde uygun geniş spektrum sağlar.
- Bakım evi kökenli, yakın zamanda antibiyotik maruziyeti olan ve sepsisli hastada ilk seçenek niteliğindedir.
- Vancomycin, MRSA riski (bakım evi, ağır seyir) varsa eklenir; kültür sonuçlarına göre de-eskalasyon yapılmalıdır.

Ek notlar:

- Kan, balgam (mümkünse) ve gerekirse trakeal aspirat kültürleri antibiyotik öncesi alınmalı.
- Hemodinamik destek, oksijen/ventilasyon değerlendirmesi ve erken sepsis yönetimi uygulanmalıdır.
- Klinik ve mikrobiyolojiye göre tedavi daraltılmalıdır.



Merhaba İlkay
Nereden başlayalım?

Gemini 3'e sorun

+ Araçlar

Resim Oluştur

Ne istiyorsanız yazın

Öğ



Diagnosis

The most likely diagnosis is **Severe Hospital-Acquired Pneumonia (HAP)**, specifically **Aspiration Pneumonia** with associated **Sepsis**.

While the patient has been in the nursing home for only 10 days, his presentation is consistent with a healthcare-associated infection. Given his hypotension (BP 95/60), tachycardia (HR 112), altered mental status (GCS 13), and tachypnea, he meets the criteria for **sepsis** (qSOFA score of 3).

Recommended Empiric Antibiotic Therapy

The regimen should be broad-spectrum to cover Gram-positive, Gram-negative, and anaerobic organisms, with specific coverage for **Multi-Drug Resistant (MDR)** pathogens.

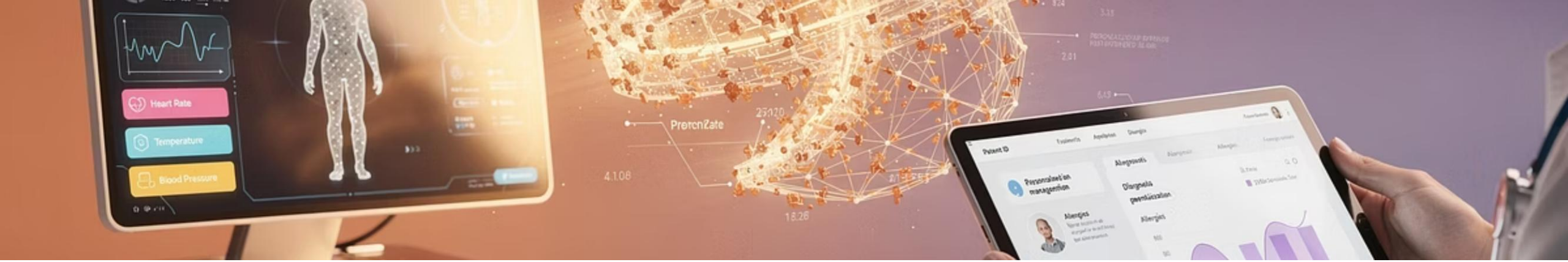
Recommended Regimen:

- Meropenem** (1g IV every 8 hours, adjusted for renal function)
- Linezolid** (600mg IV every 12 hours) OR **Vancomycin** (with weight-based loading and trough monitoring)

Justification

The choice of therapy is driven by the patient's high risk for MDR organisms and the severity of his clinical state:

- ESBL Coverage:** The patient has a documented history of **ESBL-producing *Klebsiella pneumoniae***. Carbapenems (like Meropenem) remain the gold standard for treating serious infections caused by ESBL-producing Enterobacteriaceae.
- MDR Risk Factors:** His recent hospitalization (stroke 3 months ago), current residency in a long-term care facility (nursing home), and repeated recent exposure to antibiotics (amoxicillin-clavulanate) significantly increase the likelihood of resistant flora.
- MRSA Coverage:** Due to the severity of his sepsis and residence in a nursing home, empiric coverage for Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) with Vancomycin or Linezolid is indicated.
- Anaerobic Coverage:** While most modern guidelines suggest that specific anaerobic coverage (like Clindamycin or Metronidazole) is often unnecessary unless a lung abscess or empyema is present, Meropenem provides excellent inherent anaerobic activity, covering the aspiration component.
- Renal Consideration:** His creatinine has risen to 1.9 mg/dL (AKI). Dosing for Meropenem (and Vancomycin, if used) must be carefully adjusted based on calculated creatinine



YZ Modellerinin Antibiyoterapide Üç Temel Uygulama Alanı

01

Ampirik Antibiyotik Seçimi

02

Dozaj Optimizasyonu

03

Antibiyotik Yönetimi

Doz Optimizasyonu Örnekleri

Aynı doz herkese uyar mı?



□ Bireyselleştirilmiş Dozlama

Hasta-özüml farmakokinetik değışkenleri (renal fonksiyon, organ yetmezliğı, sıvı dengesi) birlikte analiz eder
Sabit doz yerine hedef PK/PD odaklı doz ayarlamasını destekler

□ Klinik Karar Destek Rolü

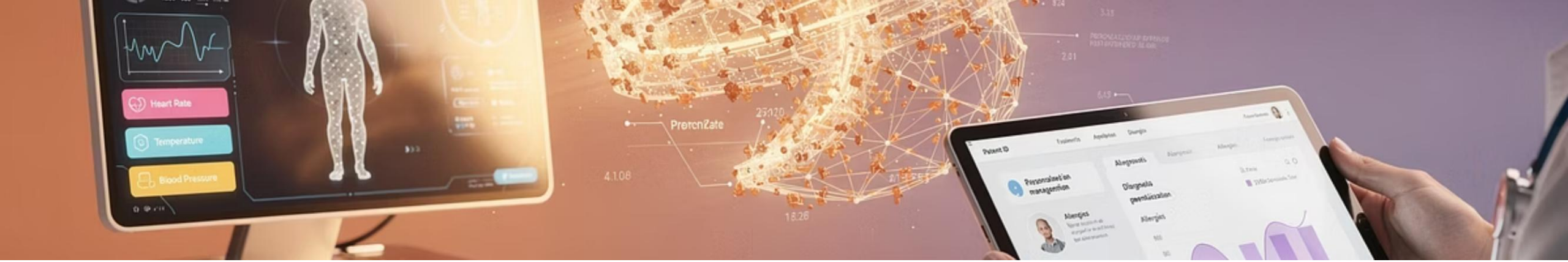


Klinik kararı devralmaz

Terapötik ilaç izlemi (TDM) ve model-informed precision dosing yaklaşımlarını güçlendirir

□ □ Klinik Olgunluk Düzeyi

Kanıtlar ağırlıklı olarak retrospektif ve sınırlı gerçek yaşam verilerine dayalı



YZ Modellerinin Antibiyoterapide Üç Temel Uygulama Alanı

01

Ampirik Antibiyotik Seçimi

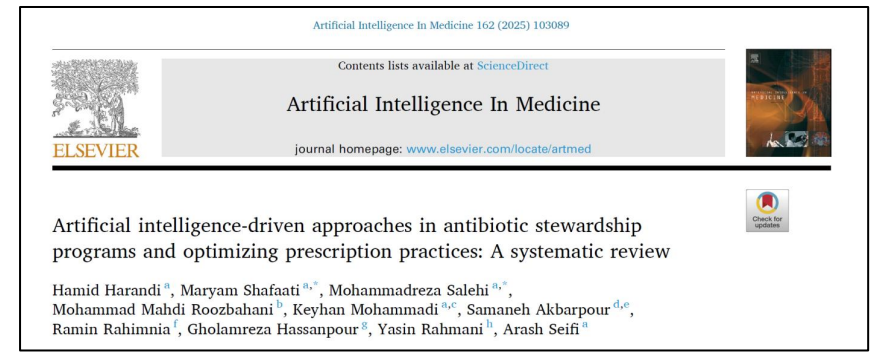
02

Dozaj Optimizasyonu

03

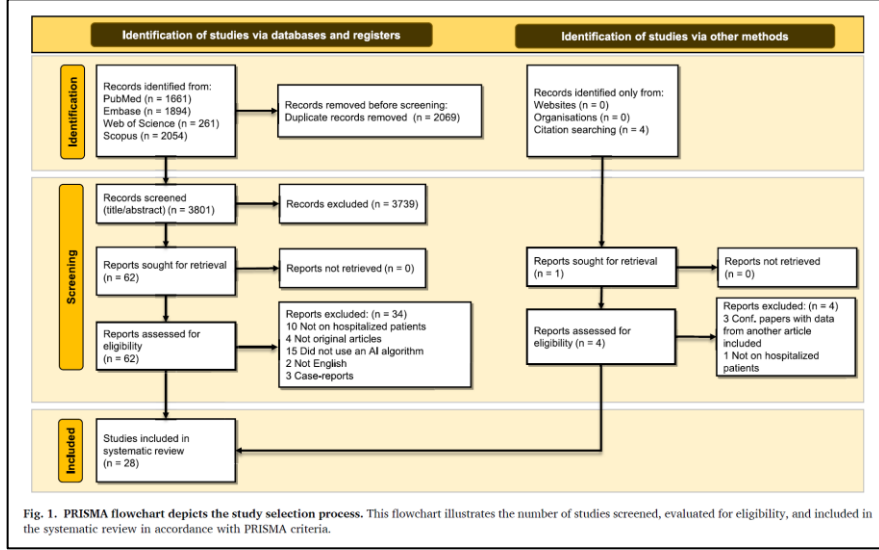
Antibiyotik Yönetimi

Antibiyotik Yönetişimi



Yapay zekâ sınıfı	Tipik modeller	Neden tercih ediliyor?	Güçlü olduğu alan	Temel sınırlılık
İstatistiksel / Basit ML	Lojistik regresyon	Şeffaf, yorumlanabilir, klinisyen dostu	Risk skorlama, uygunluk değerlendirmesi	Karmaşık ilişkileri yakalayamaz
Ağaç tabanlı ML	Random Forest	Lineer olmayan ilişkileri yakalar, stabil	Direnç tahmini, reçete uygunluğu	Model karmaşıklığı artar
Boosting yöntemleri	XGBoost, LightGBM	Yüksek performans, dengesiz veriyle uyumlu	Ampirik tedavi önerisi	Açıklanabilirlik sınırlı
Derin öğrenme (DL)	Yapay sinir ağları	Büyük ve karmaşık verilerle çalışabilir	EHR, biyomedikal sinyal, görüntü	“Kara kutu” etkisi
Takviyeli öğrenme (RL)	Policy learning	Zaman içinde karar optimizasyonu	Dinamik tedavi stratejileri	Klinik validasyon çok sınırlı
Hibrit sistemler	Kural + ML	Rehber uyumu, güvenli kullanım	Stewardship destek sistemleri	Esneklik kısıtlı

Antibiyotik Yönetiřimi



- Ampirik antibiyotik seçimi
- Erken de-eskalasyon
- Doz optimizasyonu
- Stewardship ekibinin önceliklendirilmesi



Artificial intelligence-driven approaches in antibiotic stewardship programs and optimizing prescription practices: A systematic review

Hamid Harandi^a, Maryam Shafaati^{a,*}, Mohammadreza Salehi^{a,*},
Mohammad Mahdi Roozbahani^b, Keyhan Mohammadi^{a,c}, Samaneh Akbarpour^{d,e},
Ramin Rahimnia^f, Gholamreza Hassanpour^g, Yasin Rahmani^h, Arash Seifi^a

- Yüksek gelirli ülke
- Çoğu çalışma *retrospektif*
- Dış validasyon sınırlı
- Veri kalitesi ve lokal epidemiyoloji?

Ekonomik Etki ve Maliyet Tasarrufu

□ Doğrudan Maliyet Kazancı

- IV'den oral tedaviye erken geçiş → antibiyotik maliyetlerinde yaklaşık %20 azalma
- 3 aylık dönemde ~84.000 USD antimikrobiyal ilaç tasarrufu.

□ Dolaylı Ekonomik Kazanımlar

- Gereksiz geniş spektrumlu antibiyotik kullanımının azalması
- Potansiyel olarak daha kısa hastanede kalış süresi → Sağlık sistemleri üzerindeki toplam ekonomik yükün azaltılması

□ Kritik Ekonomik Kısıtlılık

AI tabanlı sistemlerin kurulumu:

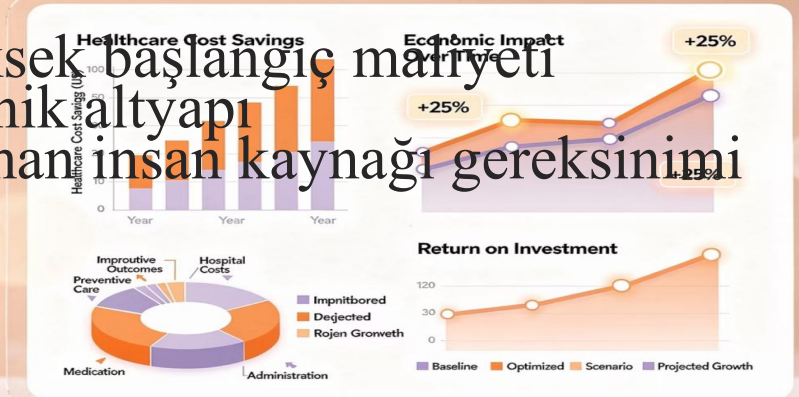
- Yüksek başlangıç maliyeti
- Teknik altyapı
- Uzman insan kaynağı gereksinimi

Original Article

Can we rely on artificial intelligence to guide antimicrobial therapy? A systematic literature review

Sulwan AlGain MD^{1,2}, Alexandre R. Marra MD^{3,4}, Takaaki Kobayashi MD^{4,5}, Pedro S. Marra BS⁶, Patricia Deffune Celeghini MD³, Mariana Kim Hsieh MD⁴, Mohammed Abdu Shatari MD⁷, Samiyah Althagafi MD⁸, Maria Alayed MD¹, Jamila I Ranavava MD⁵, Nicole A. Boodhoo BS⁹, Nicholas O. Meade DO⁵, Daniel Fu BS¹⁰, Mindy Marie Sampson DO², Guillermo Rodriguez-Nava MD², Alex N. Zimmet MD², David Ha PharmD², Mohammed Alsuhaibani MD¹, Boglarka S. Huddleston MA, MLIS¹¹ and Jorge L. Salinas MD²

¹King Faisal Specialist Hospital and Research Center, Riyadh, Saudi Arabia, ²Division of Infectious Diseases & Geographic Medicine, Stanford University, Stanford, CA, USA, ³Hospital Israelita Albert Einstein, São Paulo, SP, Brazil, ⁴University of Iowa Hospitals and Clinics, Iowa City, IA, USA, ⁵Department of Internal Medicine, University of Kentucky, Lexington, KY, USA, ⁶School of Medicine, University of California, San Francisco, San Francisco, CA, USA, ⁷King Saud Medical City, Riyadh, Saudi Arabia, ⁸Pediatric Infectious Diseases, King Abdullah Specialized Children's Hospital, MNGHA, Jeddah, Saudi Arabia, ⁹Department of Epidemiology, University of Iowa College of Public Health, Iowa City, IA, USA, ¹⁰Pritzker School of Medicine, University of Chicago, Chicago, IL, USA and ¹¹Lane Medical Library, Stanford University School of Medicine, Palo Alto, CA, USA



Yeni A

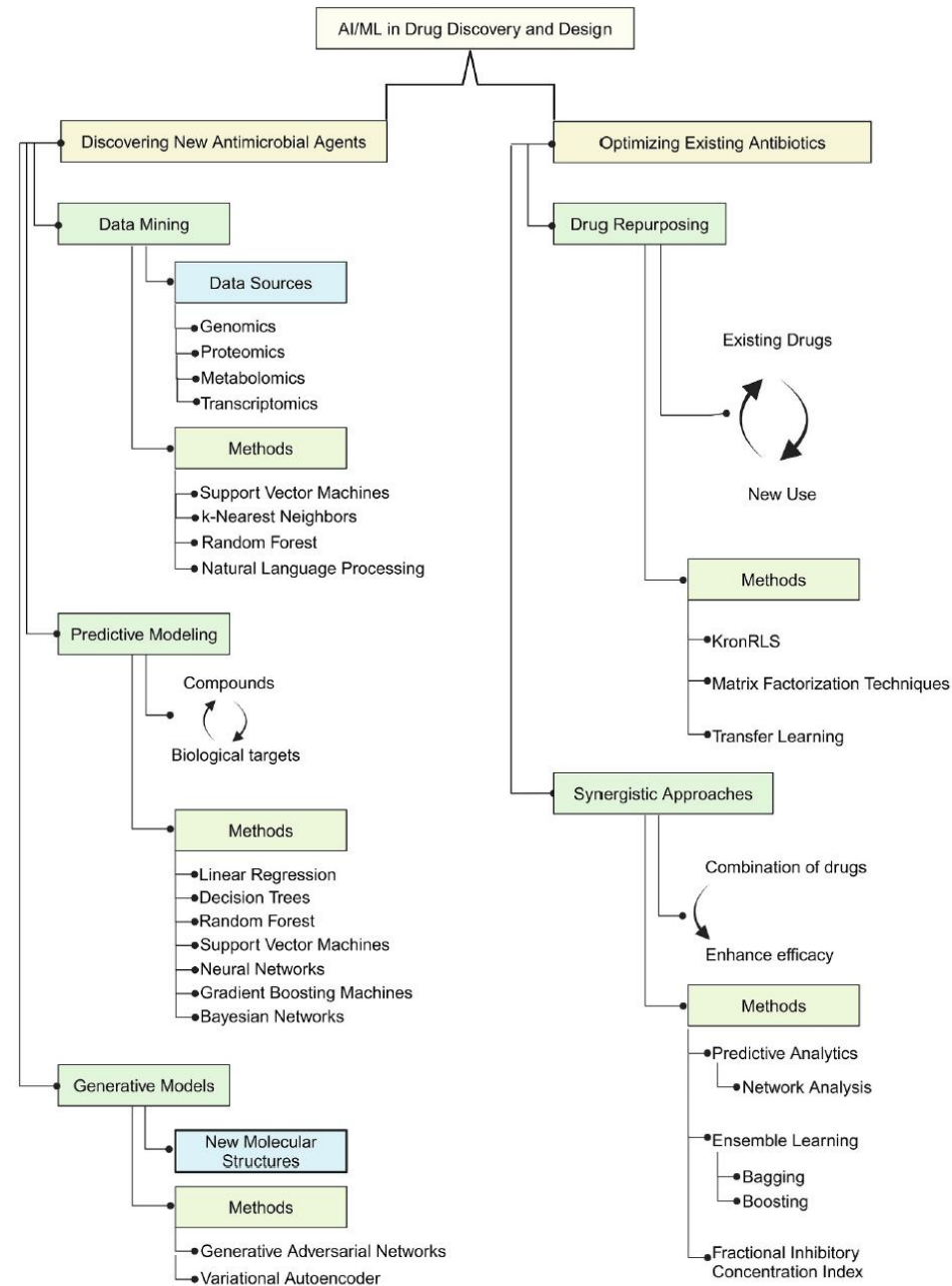


Fig. 2. Methods and Applications of Artificial Intelligence and Machine Learning in Drug Discovery and Design.



Yeni İlaç Keşfinde Devrim

Geleneksel Yöntem

Yaklaşık 15 yıl ve yüksek maliyet

YZ ile Yeni Dönem

Milyonlarca bileşiğin taranması ve biyolojik aktivitelerinin öngörülmesi saatler mertebesine iniyor

- Yeni antibiyotik keşfini radikal şekilde hızlandırma
- Mevcut ilaçların yeniden amaçlandırılması



Sanal Tarama (Milyarlarca olasılığı saniyeler içinde)

- Geleceğin antibakteriyel portföyünün oluşumu

Chemp

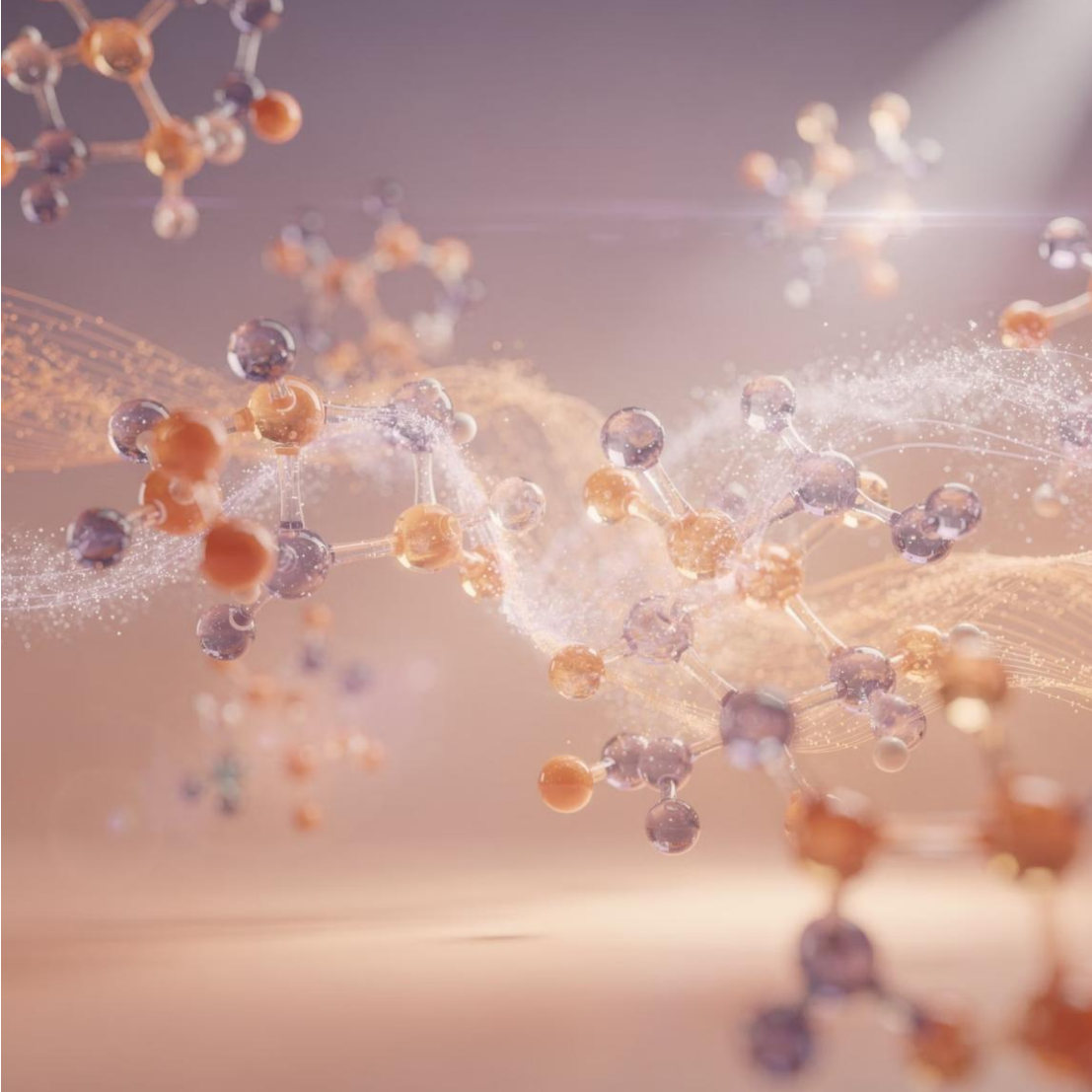


- 2335 molekülden oluşan kütüphanede eğitildi.
- D-MPNN(Directed message passing neural network)
- 6000 moleküllük ilaç kütüphanesi + ZINC15 veritabanındaki 107 milyondan fazla molekül tarandı.

- Halicin (DM)
- Yapısal olarak hiçbir antibiyotiğe benzemiyor.
- Direnç gelişimi gözlenmedi
- Güçlü bakterisidal

Üretken Modeller ve De Novo Tasarım

Temel Teknolojiler



- **VAE (Variational autoencoder- Varyasyonel otomatik kodlayıcı):**
- **GAN(Generative adversarial network- Üretken çekışmeli ağ)'lar:**

Kimyasal alanı düşük boyutlu bir gizli alana kodlayan modeller, biyolojik olarak aktif ve sentezlenebilir yeni bileşikler üretir

Üretken Modeller ve De Novo Tasarım

nature machine intelligence

Article

<https://doi.org/10.1038/s42256-024-00809-7>

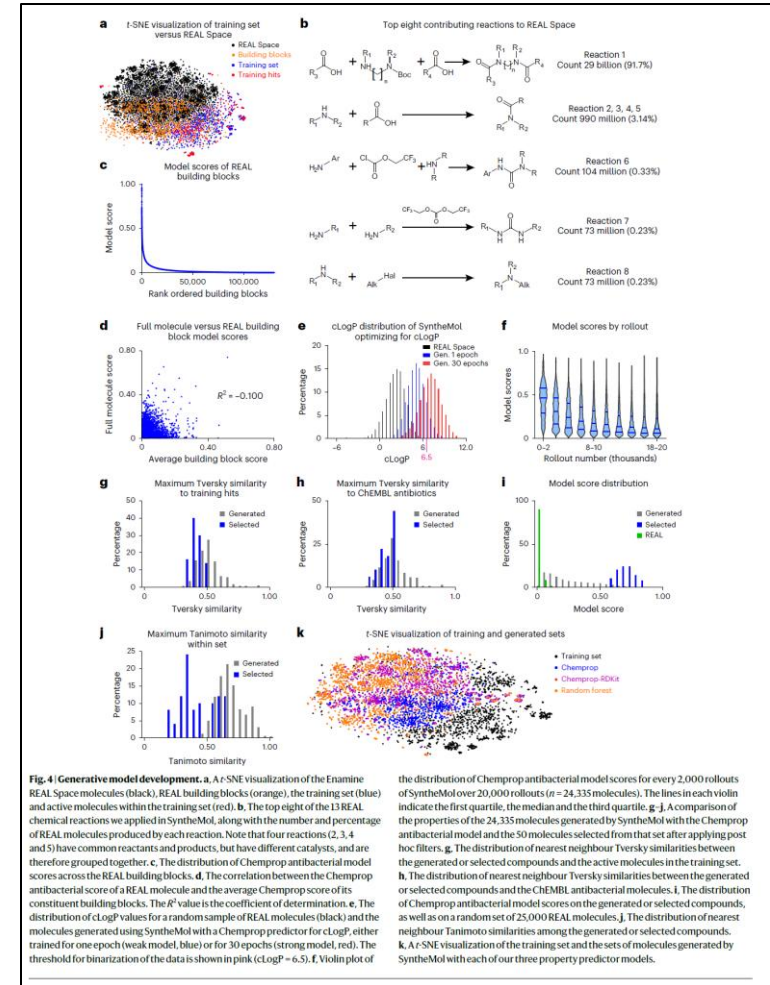
Generative AI for designing and validating easily synthesizable and structurally novel antibiotics

Received: 10 March 2023

Accepted: 8 February 2024

Published online: 22 March 2024

Kyle Swanson^{1,4}, Gary Liu^{2,4}, Denise B. Catacutan², Autumn Arnold², James Zou^{1,3} & Jonathan M. Stokes²



- **SyntheMol:** Yaklaşık 30 milyar molekülden oluşan devasa bir kimyasal alanı taramak için MCTS(Monte-Carlo Ağaç Araması) algoritmasını kullanır

Genom ve Metabolom Madenciliđi



DeepBGC (Biyosentetik gen kümeleri)

Derin öğrenme tabanlı bu platform, dizi benzerliğine ihtiyaç duymadan bakteriyel genomlardaki biyosentetik gen kümelerini yüksek doğrulukla tahmin eder



Moleküler De-extinction

YZ modelleri, Neandertal, Denisova veya yünlü mamut gibi nesli tükenmiş canlıların proteomlarını tarayarak günümüz patojenlerine karşı etkili antik antimikrobiyal peptitleri gün yüzüne çıkarmaktadır



Mikrobiyom Taraması

AMPSphere gibi modeller, küresel mikrobiyom verilerini tarayarak 1 milyona yakın yeni AMP dizisi belirlemiştir

Yapı Tahmini ve Etki Mekanizması

AlphaFold Serisi

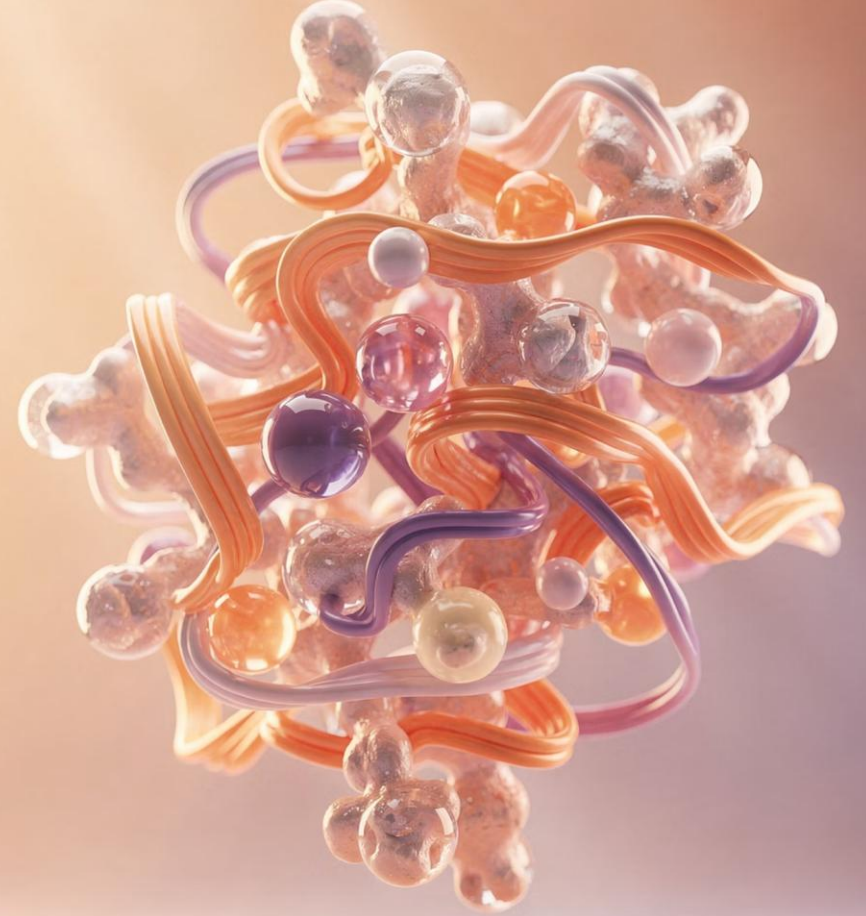
Proteinlerin 3D yapılarını amino asit dizilerinden tahmin eden bu modeller, ilaç-hedef etkileşimlerini (docking) modelleyebilirler

AlphaFold 2 ve 3, protein komplekslerini ve ligand bağlanmalarını yüksek hassasiyetle öngörebilmektedir.

BOLTZ-1

AlphaFold3'e benzer şekilde çalışan açık kaynaklı bir difüzyon modeli olup, protein-ligand komplekslerini yüksek hassasiyetle modelleyebilmektedir.

Yeni keşfedilen bir ilacın hedef proteinle nasıl etkileşime girdiğini anlamak için kritik öneme sahiptir.



Engeller ve Zorluklar



Kara Kutu Sorunu ve Güven

Şeffaflık Eksikliği

- «Karar mekanizmasının şeffaf olmaması" (kara kutu sorunu)
- Modellerin karmaşıklığı

Sonuçları

- **Klinik güven eksikliği**
- **Hata tespiti zorluğu**
- **Yasal belirsizlik**
- **Düzenleyici engeller:** FDA ve EMA gibi kurumların onay süreçlerindeki zorluklar

Açıklanabilir Yapay Zeka: LIME ve SHAP

1

Özellik Etkisinin Belirlenmesi

Modelin belirli bir tahmine ulaşırken hangi klinik veya genomik özelliklerden en çok etkilendiğini ortaya koyar

2

Kara Kutu Sorununun Aşılması

Tahminlerin arkasındaki rasyonel gerekçelerin anlaşılmasına yardımcı olur

3

Klinik Güvenin İnşası

Hekimlerin ve hastaların sisteme olan güvenini artırır

4

Etik Kullanım

Algoritmik önyargılar ve hasta grupları arası Sistemik sapmalar tespit edilebilir



1.Branda F, et al Antibiotics. 29 Mayıs 2024;13(6):502.

2.Tran-The T, et al.International Journal of Medical Informatics. Ocak 2024;181:105300.

Veri Kalitesi ve Standardizasyon Sorunları

Veri Heterojenliği

- Mevcut veriler genellikle eksik, standartlaştırılmamış veya düşük kaliteli.
- Mikrobiyolojik veriler kurumlar arasında büyük farklılıklar göstermekte
- Ulusal antibiyotik politikalarındaki değişkenlikler, küresele uyarılama?

Algoritmik Yanlılık

- Eğitim verileri toplumun çeşitliliğini yansıtıyor mu?
- YZ modelleri ırk, cinsiyet veya sosyoekonomik duruma dayalı önyargıları pekiştirebilir.
- Az temsil edilen gruplarda hatalı teşhis veya yetersiz tedavi önerilerine yol açabilir.

Genellenebilirlik Sorunu

- Birçok YZ modeli belirli bir kurumun verileriyle eğitildiği için aşırı öğrenme riski taşır.
- Farklı coğrafi veya epidemiyolojik bölgelerden gelen dış veri setlerinde performans kaybı yaşar.



Etik ve Yasal Kaygılar

Veri Gizliliği

- Devasa miktarda hassas hasta verisi!
- Dijital kimlik hırsızlığı,
- Veri sızıntıları
- Bilgilerin tıbbi olmayan amaçlarla kötüye kullanılması riski?

Hesap Verebilirlik

Malpraktis?

Hekim Otonomisi

YZ'ye körü körüne itaat veya aşırı bağımlılık, hekimin klinik yargısını köreltebilir ve hasta-hekim ilişkisindeki otonomiye zayıflatabilir.

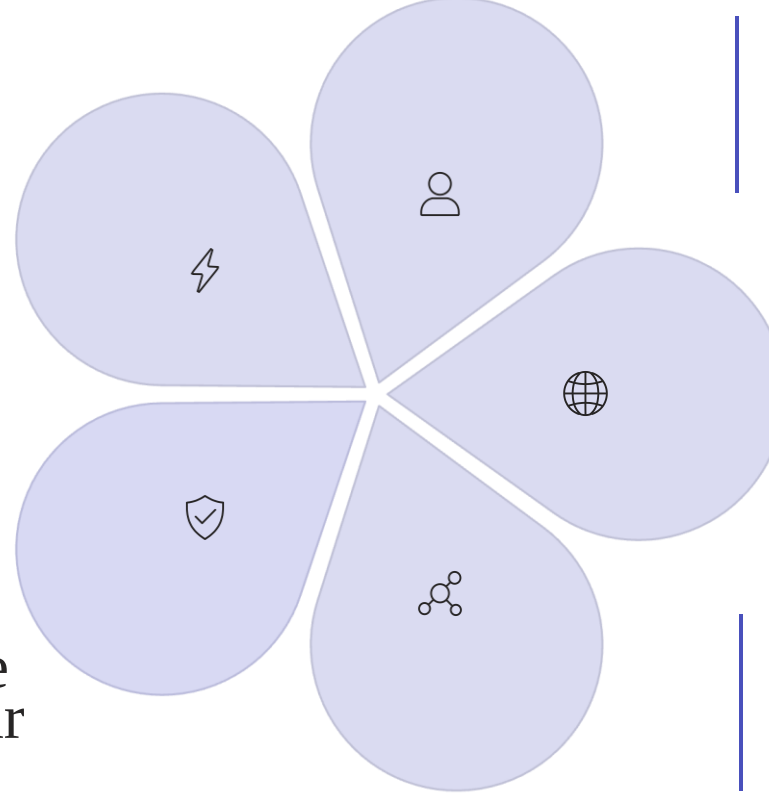
Gelecek Perspektifi: Paradigma Deęiřimi

Anlık Tanı

Kültürsüz ve dakikalar içinde yapılan direnç öngöröleri

řeffaf Sistemler

Açıklanabilir YZ ile güvenli ve etik uygulamalar



Kiřiselleřtirilmiř Tedavi

Hastaya özel antibiogramlar ve dinamik doz ayarlamaları

Küresel Gözetim

Tek Sağlık perspektifiyle entegre erken uyarı sistemleri

Hızlı İlaç Keřfi

Saatler içinde yeni antibiyotik adaylarının tasarlanması