



24. ULUSAL ve 7. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ

29 - 31 Ekim 2023, Jura Hotels Afyon Termal

www.bioistatistikkongresi.net

Kongre Onursal Başkanı

Prof. Dr. Kadir SÜMBÜLOĞLU, Hacettepe Üniversitesi

Prof. Dr. Nurullah OKUMUŞ, Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi

Kongre Başkanı

Prof. Dr. İsmet DOĞAN, Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi

Düzenleme Kurulu

Prof. Dr. Erdem KARABULUT, Hacettepe Üniversitesi

Prof. Dr. Nurhan DOĞAN, Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi

Prof. Dr. Seval KUL, Gaziantep Üniversitesi

Doç. Dr. İlker ÜNAL, Çukurova Üniversitesi

Doç. Dr. Can ATEŞ, Aksaray Üniversitesi

Dr. Öğr. Üyesi Dinçer GÖKSÜLÜK, Erciyes Üniversitesi

Dr. Öğr. Üyesi Gülcan GENCER, Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi

Bilimsel Sekreteryaya

Dr. Öğr. Üyesi Gülcan GENCER, 0545 300 22 17
gulcan.gencer@afsu.edu.tr

Dr. Öğr. Üyesi Dinçer GÖKSÜLÜK, 0537 665 57 62
dincergoksuluk@erciyes.edu.tr

Öğr. Gör. Dr. Merve Başol GÖKSÜLÜK, 0506 434 44 37
merve.basol@erciyes.edu.tr

Kongre Sekreteryası



Cahit Sıtkı BOZKURT
0532 302 08 48
cahitsbozkurt@afsmice.com



24. ULUSAL
ve
7. ULUSLARARASI
BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ

BİLDİRİ KİTAPÇIĞI

Editör

Prof. Dr. İsmet DOĞAN

Yardımcı Editörler

Prof. Dr. Erdem KARABULUT

Dr. Öğr. Üyesi Dinçer GÖKSÜLÜK

Dr. Öğr. Üyesi Gülcan GENCER

Öğr. Gör. Dr. Merve Başol GÖKSÜLÜK

29 – 31 Ekim 2023

Afyonkarahisar

Çok Değerli Akademisyenler, Kıymetli Meslektaşlarım,

Biyoistatistik Derneği ve Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı olarak **29-31 Ekim 2023** tarihlerinde cumhuriyetimizin 100. yılında, cumhuriyetin kazanıldığı topraklarda, termalin başkenti Afyonkarahisar'da düzenleyeceğimiz **24. Ulusal ve 7. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi'**ne sizleri davet etmekten büyük bir keyif ve mutluluk duyuyorum.

Biyoistatistik Ana Bilim Dalı'nın birer üyesi olarak üstlenmiş olduğumuz misyon ve vizyon da göz önünde bulundurulduğunda mesleki gelişim açısından bu önemli etkinlikte siz değerli meslektaşlarımı fikirlerinizi, deneyimlerinizi ve tarafınızdan gerçekleştirilen araştırmalardan elde ettiğiniz sonuçlarınızı paylaşmak üzere bir araya getirerek ev sahipliğini üstlendiğim kongremizde aramızda görmek bizleri ziyadesiyle memnun edecektir.

Her geçen yıl hem nitelik hem de nicelik olarak artan sayımıza yakışır, bilimsel açıdan zengin ve güncel bilgilerin yer aldığı çalışmaların paylaşıldığı başarılı bir kongre geçirebilmek için yüksek lisans, doktora öğrencileriniz dâhil asistanından ana bilim dalı başkanına her birinizden ayrı ayrı kongremize desteklerinizi istiyorum ve bekliyorum.

Saygılarımla,

Prof. Dr. İsmet DOĞAN
Kongre Başkanı

24. ULUSAL ve 7. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
29 – 31 Ekim 2023, Afyonkarahisar

DÜZENLEME KURULU

Kongre Onursal Başkanı	
Prof. Dr. Kadir SÜMBÜLOĞLU	Hacettepe Üniversitesi Biyoistatistik Anabilim Dalı Emekli Öğretim Üyesi / Biyoistatistik Derneği Onursal Başkanı
Prof. Dr. Nurullah OKUMUŞ	Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi Rektörü

Kongre Başkanı	
Prof. Dr. İsmet DOĞAN	Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi

Düzenleme Kurulu	
Prof. Dr. Erdem KARABULUT	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Nurhan DOĞAN	Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi
Prof. Dr. Seval KUL	Gaziantep Üniversitesi
Doç. Dr. İlker ÜNAL	Çukurova Üniversitesi
Doç. Dr. Can ATEŞ	Aksaray Üniversitesi
Dr. Öğr. Üyesi Dinçer GÖKSÜLÜK	Erciyes Üniversitesi
Dr. Öğr. Üyesi Gülcan GENCER	Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi

Bilimsel Sekreteryä	
Dr. Öğr. Üyesi Dinçer GÖKSÜLÜK	Erciyes Üniversitesi
Dr. Öğr. Üyesi Gülcan GENCER	Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi
Öğr. Gör. Dr. Merve Başol GÖKSÜLÜK	Erciyes Üniversitesi

24. ULUSAL ve 7. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
29 – 31 Ekim 2023, Afyonkarahisar

BİLİMSEL DANIŞMA KURULU

Prof. Dr. A. Ergun KARAAĞAOĞLU	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Ahmet ÖZTÜRK	Erciyes Üniversitesi
Prof. Dr. Alan TENNANT	University of Lucerne, Switzerland
Prof. Dr. Atilla Halil ELHAN	Ankara Üniversitesi
Prof. Dr. Ayşe Canan Yazıcı GÜVERCİN	İzmir Tınaztepe Üniversitesi
Prof. Dr. Bahar TAŞDELEN	Mersin Üniversitesi
Prof. Dr. Beyza ŞAHİN	Pamukkale Üniversitesi
Prof. Dr. Cemil ÇOLAK	İnönü Üniversitesi
Prof. Dr. Deniz SİĞİRLİ	Uludağ Üniversitesi
Prof. Dr. Erdem KARABULUT	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Ersin ÖĞÜŞ	Başkent 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. Hafize SEZER	İstanbul Aydın Üniversitesi
Prof. Dr. Handan ANKARALI	Medeniyet 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. Mehtap Akçil OK	Başkent Üniversitesi
Prof. Dr. Melody GHAHRAMANI	Winnipeg Üniversitesi, Canada
Prof. Dr. Meriç Yavuz ÇOLAK	Başkent Üniversitesi
Prof. Dr. Peter W. ROSE	University of California, USA
Prof. Dr. Pınar ÖZDEMİR	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Recai YÜCEL	Temple University, USA
Prof. Dr. Reha ALPRA	Hacettepe Üniversitesi
Prof. Dr. Saim YOLOĞLU	İnönü Üniversitesi
Prof. Dr. Sanjib BASU	University of Illinois, USA
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. Şengül CANGÜR	Düzce Üniversitesi
Prof. Dr. Ünal ERKORKMAZ	Sakarya Üniversitesi
Prof. Dr. Vildan SÜMBÜLOĞLU	Sanko Üniversitesi

Prof. Dr. Yasemin YAVUZ	Ankara Üniversitesi
Prof. Dr. Yusuf ÇELİK	Biruni Üniversitesi
Prof. Dr. Yavuz SANİSOĞLU	Yıldırım Beyazıt Üniversitesi
Prof. Dr. Z. Nazan ALPARSLAN	Çukurova Üniversitesi
Prof. Dr. Zeki AKKUŞ	Dicle Üniversitesi
Doç. Dr. Alex R. de LEON	University of Calgary, Canada
Doç. Dr. Beyza Doğanay ERDOĞAN	Ankara Üniversitesi
Doç. Dr. Can ATEŞ	Aksaray Üniversitesi
Doç. Dr. Cengiz BAL	Eskişehir Osmangazi Üniversitesi
Doç. Dr. Derya GÖKMEN	Ankara Üniversitesi
Doç. Dr. Duchwan RYU	Northen Illinois University, USA
Doç. Dr. Emre DEMİR	Hitit Üniversitesi
Doç. Dr. Erdal COŞGUN	Microsoft Genetics, USA
Doç. Dr. Gökmen ZARARSIZ	Erciyes Üniversitesi
Doç. Dr. Gözde E. ZARARSIZ	Erciyes Üniversitesi
Doç. Dr. Harika Gözükara BAĞ	İnönü Üniversitesi
Doç. Dr. İlkay DOĞAN	Gaziantep Üniversitesi
Doç. Dr. İlker ÜNAL	Çukurova Üniversitesi
Doç. Dr. Jale Karakaya KARABULUT	Hacettepe Üniversitesi
Doç. Dr. Osman DAĞ	Hacettepe Üniversitesi
Doç. Dr. Lynn SLEEPER	Harvard Medical School, USA
Doç. Dr. M. Ali SUNGUR	Düzce Üniversitesi
Doç. Dr. M. Agah TEKİNDAL	İzmir Katip Çelebi Üniversitesi
Doç. Dr. S. Kenan KÖSE	Ankara Üniversitesi
Doç. Dr. Selçuk KORKMAZ	Trakya 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

24. ULUSAL ve 7. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ 29 – 31 Ekim 2023, Afyonkarahisar

I. Biyoistatistikte Mezuniyet Sonrası Eğitim Çalıştayı

24. Ulusal ve 7. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi kapsamında mezuniyet sonrası biyoistatistik eğitiminin standartlaştırılması, eğitim kalitesinin yükseltilmesi, eğitim müfredatının güncellenmesi ve akreditasyon çalışmalarının başlatılması amacı ile Biyoistatistik Derneği tarafından “**Biyoistatistik’te Mezuniyet Sonrası Eğitim Çalıştayı**” düzenlenmiştir. Bu çalıştay mezuniyet sonrası biyoistatistik programlarını akreditasyonu için başlangıç niteliğindedir. Nihai hedef Türkiye’de biyoistatistik eğitiminin kalitesinin yükseltilmesine ve standartlaştırılmasına katkıda bulunmaktır. Böylece, bilim ve toplumdaki gelişmeler ile biyoistatistik uygulamalarını bütünleştirip sağlık araştırmalarına yüksek nitelikli katkı sunacak, yeterlik ve yetkinlikte biyoistatistikçiler yetiştirilerek toplumun sağlık düzeyinin ileri götürülmesi hedeflenmektedir.

Çalıştay kapsamında;

- Yüksek lisans / Doktora programlarının dönemlere göre eğitim hedeflerinin belirlenmesi,
- Yüksek lisans / Doktora programlarının mezuniyet çıktılarının belirlenmesi,
- Yüksek Lisans / Doktora programlarının çekirdek eğitim programlarının oluşturulması ve akreditasyon çalışmalarına başlanması için komisyonların oluşturulması

konuları üzerinde fikir alışverişi yapılmış ve sürecin başlatılması için girişimlerde bulunulmuştur.

24. ULUSAL ve 7. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ 29 – 31 Ekim 2023, Afyonkarahisar

KURSLAR

➤ **Kurs 1: R ve SAS uygulamalı Network Meta Analizi Kursu**

Eğitimci: Öğr. Gör. Dr. Tanyeli KAZAZ

Tarihi: 30.10.2023 / Saat 15:00 – 18:30

İkiden fazla tanı veya tedavi yöntemini karşılaştırabilmesinden dolayı Network Meta Analizi son yıllarda popüler olan ve kanıt değeri diğer çalışma türlerine göre en yüksek olan analizdir. Network Meta Analizi bilimsel çalışmaları özetlemenin, bütünleştirmenin ve yorumlamanın önemli yollarından biridir.

Bu kursta;

- Network meta analizinin tanımı ve amacı
- Doğrudan ve dolaylı etkiler
- Network meta analizinin varsayımları
- Sabit etki ve rastgele etki modelleri
- Sayısal ve kategorik değişkenlerdeki uygulaması
- Grafikselleştirilmeleri
- En iyi yöntemin belirlenmesi

incelenecektir.

Katılımcılar kurs sonunda ücretsiz yazılım olan R ve SAS OnDemand for Academics'te uygulama yapabilecek seviyeye ulaşacaktır.

➤ **Kurs 2: R Programlama Dilinde Paket Geliştirmek**

Eğitmen: Dinçer GÖKSÜLÜK, Dr. Öğr. Üyesi

Tarihi: 30.10.2023 / Saat 15:00 – 18:30

Kurs Hakkında:

R programlama dili veri analizi ve iş analitiği çözümlerinde sıklıkla tercih edilen popüler bir programlama dilidir. Bu programlama dilinde yazılan fonksiyonlar ve kodlamaların bir R paketi olarak geliştirilmesi hem kendinizin hem de bu alanda çalışan veri analistlerinin (istatistikçiler, veri bilimciler, R kullanıcıları, vb.) benzer iş akışlarını hızlı ve etkin bir şekilde yürütmelerine olanak tanıyacaktır.

Bu kurs kapsamında bir R paketi oluşturmanın temel yönleri ele alınacak, R paketlerinin genel mimarisi (DESCRIPTION, NAMESPACE dosyaları, vb.), fonksiyon yardım dosyalarının hazırlanması, fonksiyonların ve kodların test edilmesi, geliştirilen paketin GitHub ağından paylaşılması ve yeni versiyonlarının yönetilmesi gibi konular üzerinde durulacaktır. Ayrıca, geliştirilen R paketinin 'the Comprehensive R Archive Network (CRAN)' ağına gönderilmesi sürecinde dikkat edilmesi gereken noktalar teorik olarak ele alınacaktır.

Bu kurs sonunda katılımcıların R paketlerinin geliştirilmesi, bir R paketinin temel yapısı ve paketlerin bakım/geliştirme süreçlerinin yönetimi konularında temel düzeyde bilgi sahibi olması amaçlanmaktadır.

Süre: Kurs süresi 3 saattir.

24. Ulusal ve 7. Uluslararası Biyoistatistik Kongresi
29-31 Ekim 2023 - Afyon Jura Hotels Termal

Kongre Programı

1. Gün / Day 1 (29 Ekim/October): Ana Salon / Main Hall

Saat/Hour		Sunum Başlığı/Presentation Title
13:00	15:00	Sosyal Etkinlik: Afyon Şehir Gezisi
Oturum Başkanları / Chairs: Prof. Dr. Reha ALPAR, Prof. Dr. Vildan SÜMBÜLOĞLU		
15:00	17:00	Açılış Konuşmaları Davetli Konuşmacı Cumhuriyetin Kazanımları Prof. Dr. Ahmet ALTINTAŞ Afyon Kocatepe Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Cumhuriyet Tarihi Anabilim Dalı Cumhuriyetin 100. Yılı Müzik Dinletisi Afyon Kocatepe Üniversitesi Konservatuvarı

2. Gün / Day 2 (30 Ekim/October): Ana Salon / Main Hall

Saat/Hour		Sunum Başlığı/Presentation Title	
Oturum Başkanları / Chairs: Prof. Dr. Nazan ALPARSLAN, Prof. Dr. Ersin ÖĞÜŞ, Doç. Dr. Cengiz BAL			
I. Oturum / Session I Makine Öğrenme ve Yapay Zeka Sınıflama/Kümeleme Biyoinformatik ve Genomik	09:00	09:15	Alzheimer Hastalığı Seviyelerinin Sıralı Lojistik Regresyon ve Yapay Öğrenme Algoritmaları Yöntemiyle Belirlenmesi Nurgül Bulut , Tuna Çakar, İlker Arslan, Kevser Setenay Öner
	09:15	09:30	Derin öğrenme yöntemlerinden, görüntü analizinde kullanılan konvolüsyonel sinir ağılar mimarilerinin COVID-19 tanısında kullanılması İlgi Ünal , Leman Tokmak
	09:30	09:45	Meme Kanseri Teşhisinde Farklı Makine Öğrenme Yöntemlerinin Karşılaştırılması Esra Akaydın Gültürk , Ahmet Kadir ASLAN, Abdolvahap PINAR
	09:45	10:00	COVID-19 Pandemisinin Hasta Profiline Etkisinin SOM Algoritması ile Değerlendirilmesi Meryem GÖRAL YILDIZLI , Betül DAĞOĞLU HARK
	10:00	10:15	Açıklanabilir Artırma Makinesi ve Dengesiz Dağılıma Sahip İki Kategorili Sınıflandırma Problemlerinde Uygulaması Ahmet Kadir ARSLAN
	10:15	10:30	Alternatif Uç Birleştirme Bölgelerinin Makine Öğrenimi ve Derin Öğrenme Yöntemleri ile Tahmin Edilmesi Ragıp Onur Öztornacı
10:30	11:00	ÇAY - KAHVE ARASI	
Oturum Başkanları / Chairs: Prof. Dr. Ünal ERKORKMAZ, Prof. Dr. Ayşe Canan YAZICI, Doç. Dr. Mehmet Güven GÜNVER			
II. Oturum / Session II Regresyon Modelleri İstatistiksel Modelleme	11:00	11:15	Pediyatrik Büyüme Eğrilerinin GAMLSS ve Kantil Regresyon Yöntemleriyle Karşılaştırılması Eda Çakmak , Ergun Karaağaoğlu, Pinar Özdemir, Serhat Kılıç
	11:15	11:30	Lojistik Regresyon Analizinde Çoklu Etkileşim Terimlerinin Araştırılması İçin Yeni Bir Öneri Yaşar Sertdemir
	11:30	11:45	Tek Değişkenli Analiz Yöntemleri ile Yapısal Eşitlik Modellemesi Çoklu Grup Analizi Sonuçlarının Karşılaştırılması FeYZa İNCEOĞLU , Serdar DENİZ
	11:45	12:00	Türkiye ve OECD Ülkelerinde Sağlık Sektörü Durumu ve Modellenabilir Öngörüler Gülcan Gencer , İsmet Doğan
	12:00	12:15	İkili Sonuç Değişkeni Varlığında Aracı Etki (Mediation) Modeli: Psikiyatride Bir Uygulama İhsan BERK , Buket İPEK BERK, Berkalp TUNCA, Pinar GÜNEL, Barış YILBAŞ
	12:15	12:30	Network Meta Analizi Rastgele Etki Modellerinin Farklı İstatistiksel Yazılımlardaki Sonuçlarının Değerlendirilmesi- Bir Simülasyon Çalışması Tanyeli GÜNEYLİĞİL KAZAZ , Pinar GÜNEL, İlkay DOĞAN
12:30	13:30	ÖĞLEYEMEĞİ	
Oturum Başkanları / Chairs: Prof. Dr. Mehtap Akçıl OK, Prof. Dr. Setenay ÖNER, Doç. Dr. Pinar GÜNEL			
III. Oturum / Session III İstatistiksel Modelleme Meta Analizi Ölçek, Geçerlik ve Güvenirlik	13:30	13:45	Makine Öğrenimi Yöntemleri ile Yaşam Doyum Puanı Tahmini Ebru Turgal , Beyza Doğanay, Furkan Bahadır Alptekin, Hüseyin Şehit Burhan
	13:45	14:00	Ölçek Sonuçlarını Kesim Noktalarıyla Kategorileştirmek Hipotez Testi Sonuçlarını Etkiler mi? Bir Duyarlılık Analizi Uğurcan Sayılı , Hamza Emre Arslı, Deniz Turgut, Betül Ceyhan, Esin Sıddıkoğlu, Mehmet Güven Günver, Sevda Özel Yıldız, Eray Yurtseven, Ethem Erginöz
	14:00	14:15	Geçmişten Günümüze Sentetik Kontrol Metodunun Sağlık Alanında Kullanımı Nadire Eraslan Masalçı, Nurgül Bulut , Handan Ankaralı
	14:15	14:30	Tıp Fakültesi Öğrencilerinin Biyoistatistik Eğitimi Sürecinde Bilgisayar Dersine İlişkin Tutumları, Bilgisayar Kullanım ve Bilgi Düzeyi İsmail YILDIZ , Zeki AKKUŞ, Hülya ÖZEN
	14:30	14:45	Çocuk Davranışlarını Yönetme İçin Beslenme (ÇDYB) Ölçeği: Türkçe 'ye Uyarlama, Geçerlik ve Güvenirlik Çalışması Murat YÜCEL
	14:45	15:00	Kısa Sözlü Bildiri (Poster): Tahmin Modeli Performans Ölçütlerinden Karar Eğrisi Analizi Duygu Korkmaz Yalçın , İlker ÜNAL Kısa Sözlü Bildiri (Poster): Karar Eğrisi Üzerine Bibliyometrik Bir Analiz Duygu Korkmaz Yalçın , İlker ÜNAL
15:00	15:30	ÇAY - KAHVE ARASI	

KURSLAR ÇALIŞTAY	15:30	18:30	Kurs 1: R Programlama Dilinde Paket Geliştirmek
			Kurs 2: R ve SAS Uygulamalı Network Meta Analizi Kursu
			Biyostatistik'te Mezuniyet sonrası Eğitim Çalıştayı
			Oturum Başkanları / Chairs: Prof. Dr. Erdem KARABULUT, Prof. Dr. Vildan SÜMBÜLOĞLU, Prof. Dr. Seval KUL
3. Gün / Day 3 (31 Ekim/October): Ana Salon / Main Hall			
Saat/Hour		Sunum Başlığı/Presentation Title	
Oturum Başkanları / Chairs: Prof. Dr. Canan BAYDEMİR, Prof. Dr. Şengül CANGÜR, Doç. Dr. Serdal Kenan KÖSE			
IV. Oturum / Session IV Makine Öğrenme II Biyoinformatik ve Genomik İstatistiksel Modelleme Tanı Testleri	09:00	09:15	Radyogenomik Alanında Kapsamlı Bir Çalışma: Görüntü ve Genetik Verilerinin Birlikte Kullanılmasının Sınıflama Performansına Etkisi Merve Kaçıkçı, Erdal Coşgun, Erdem Karabulut
	09:15	09:30	Specifying The Boundaries of Gray Zone in Diagnostic Tests with Information Criteria Ebru Öztürk, Ergun Karaağaoğlu, Jale Karakaya
	09:30	09:45	Uzunlamasına ve Sağlık Verilerinin Birlikte Modellenmesinde Model Performansının Bilgi İçeriği Yaklaşımı ile Değerlendirilmesi Merve Başol GÖKSÜLÜK, Dinçer GÖKSÜLÜK, A. Ergun KARAAĞAOĞLU
	09:45	10:00	Evrimsel sınırlarına dayalı iki sınıflı kontrastlı spektral mamografi görüntülerinin sınıflandırması Hanife Avcı, Gamze Durhan, Figen Demirkazık, Meltem Gülsün Akpınar, Hüseyin Büllüç, Jale Karakaya
	10:00	10:15	Görüntü İşleme Yöntemleriyle Elde Edilen Radyomik Verilerin İskemik İnme Tespitindeki Rolü: Bir Makine Öğrenmesi Yaklaşımı Eylem GÜLATEŞ, Gökçen ÇOBAN ÇİFÇİ, Jale KARAKAYA
	10:15	10:30	Power Analysis for Multiple Linear Regression Models with R Shiny Web Tool (PwrMLinR) Ayhan PARMAKSIZ, Reha ALPAR
	10:30	10:45	Sağlık Bilimlerinde Recursive Modeller ve Bir Örnek Uygulama Murat Doğuş Günel, Prof. Dr. Sıddık Keskin
	10:45	11:00	ÇAY - KAHVE ARASI
Oturum Başkanları / Chairs: Prof. Dr. Erdem KARABULUT, Prof. Dr. Vildan SÜMBÜLOĞLU, Prof. Dr. Seval KUL			
	11:00	12:00	Biyostatistik Eğitimi, Akreditasyon Tartışma Oturumu
	12:00	12:30	KAPANIŞ KONUŞMALARI
	12:30	13:30	ÖĞLEYEMEĞİ

24. ULUSAL ve 7. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ
29 – 31 Ekim 2023, Afyonkarahisar

GENEL BİLGİLER

Kongre Tarihi ve Yeri

24. ULUSAL VE 7. ULUSLARARASI BİYOİSTATİSTİK KONGRESİ, 29-31 Ekim 2023 tarihlerinde Afyon Jura Hotels Afyon Termal’de gerçekleştirilecektir.

Kongre Dili

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

Kongre Kayıt

Kongre kayıtları 22 Ekim 2023 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 30 Ekim 2023 tarihinde kurslar düzenlenecektir.

Kongre programı: 29-31 Ekim 2023

Oturumlar, 29 Ekim 2023, Açılış ve oturumlar, 30 Ekim 2023 tüm gün ve 31 Ekim 2023 günleri ise yarım gün şeklinde planlanmaktadır.

İÇİNDEKİLER

SÖZLÜ BİLDİRİLER (ÖZET)

Network Meta Analizi Rastgele Etki Modellerinin Farklı İstatistiksel Yazılımlardaki Sonuçlarının Değerlendirilmesi-Bir Simülasyon Çalışması	1
Pediyatrik Büyüme Eğrilerinin GAMLSS ve Kantil Regresyon Yöntemleriyle Karşılaştırılması	2
Radyogenomik Alanında Kapsamlı Bir Çalışma: Görüntü ve Genetik Verilerinin Birlikte Kullanılmasının Sınıflama Performansına Etkisi	3
Türkiye ve OECD Ülkelerinde Sağlık Sektörü Durumu ve Modellenabilir Öngörüler	4
Ölçek Sonuçlarını Kesim Noktalarıyla Kategorileştirmek Hipotez Testi Sonuçlarını Etkiler mi?.....	5
Power Analysis for Multiple Linear Regression Models with R Shiny Web Tool (PwrMLinR).....	6
Derin öğrenme yöntemlerinden, görüntü analizinde kullanılan konvolüsyonel sinir ağları mimarilerinin COVID-19 tanısında kullanılması.....	7
Specifying The Boundaries of Gray Zone in Diagnostic Tests with Information Criteria	8
Tek Değişkenli Analiz Yöntemleri ile Yapısal Eşitlik Modellemesi Çoklu Grup Analizi Sonuçlarının Karşılaştırılması	9
Alzheimer Hastalığı Seviyelerinin Sıralı Lojistik Regresyon ve Yapay Öğrenme Algoritmaları Yöntemiyle Belirlenmesi	10
Çocuk Davranışlarını Yönetme İçin Besleme (ÇDYB) Ölçeği: Türkçe 'ye Uyarlama, Geçerlik ve Güvenirlik Çalışması	11
Geçmişten Günümüze Sentetik Kontrol Metodunun Sağlık Alanında Kullanımı	12
Tıp Fakültesi Öğrencilerinin Biyoistatistik Eğitimi Sürecinde Bilgisayar Dersine İlişkin Tutumları, Bilgisayar Kullanım ve Bilgi Düzeyi	13
Lojistik Regresyon Analizinde Çoklu Etkileşim Terimlerinin Araştırılması İçin Yeni Bir Öneri	14
İkili Sonuç Değişkeni Varlığında Aracı Etki (Mediation) Modeli: Psikiyatride Bir Uygulama	15
COVID-19 Pandemisinin Hasta Profiline Etkisinin SOM Algoritması ile Değerlendirilmesi	16
Görüntü İşleme Yöntemleriyle Elde Edilen Radyomik Verilerin İskemik İnme Tespitindeki Rolü: Bir Makine Öğrenmesi Yaklaşımı.....	17
Evrişimsel sinir ağlarına dayalı iki sınıflı kontrastlı spektral mamografi görüntülerinin sınıflandırması	18
Açıklanabilir Artırma Makinesi ve Dengesiz Dağılıma Sahip İki Kategorili Sınıflandırma Problemlerinde Uygulaması	19
Uzunlamasına ve Sağkalım Verilerinin Birlikte Modellenmesinde Model Performansının Bilgi İçeriği Yaklaşımı ile Değerlendirilmesi	20
Sağlık Bilimlerinde Yinelemeli Modeller Ve Karar Ağacı ile Bir Uygulama	21
SÖZLÜ BİLDİRİLER (TAM METİN)	
Alternatif Uç Birleştirme Bölgelerinin Makine Öğrenimi ve Derin Öğrenme Yöntemleri ile Tahmin Edilmesi.....	23
Makine Öğrenimi Yöntemleri ile Yaşam Doyum Puanı Tahmini	28

Meme Kanseri tanısında Makine Öğrenme Yöntemlerinin Sınıflama Performanslarının karşılaştırılması 41

KISA SÖZLÜ BİLDİRİLER (POSTER)

Tahmin Modeli Performans Ölçütlerinden Karar Eğrisi Analizi..... 46

Karar Eğrisi Analizi Üzerine Bibliyometrik Bir Analiz 47

SÖZLÜ BİLDİRİLER

(ÖZET)

SB1

Network Meta Analizi Rastgele Etki Modellerinin Farklı İstatistiksel Yazılımlardaki Sonuçlarının Değerlendirilmesi-Bir Simülasyon Çalışması

Tanyeli GÜNEYLİGİL KAZAZ¹, Pınar GÜNEL², İlkay DOĞAN¹

¹ Gaziantep Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Gaziantep.

² SANKO Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Gaziantep.

Amaç: Network meta analizi, literatürde yer alan aynı amaç ve yöntemle yürütülmüş ikiden fazla yöntemin karşılaştırıldığı çalışmaların sonuçlarını istatistiksel olarak birleştiren ve genel etki büyüklüğü tahmini elde etmeyi sağlayan bir analiz yöntemidir. Bu yöntemde amaç aynı anda birden çok yöntem arasında bir ağ oluşturup doğrudan ve dolaylı etki büyüklüğü kestirimlerini değerlendirmek, elde edilen birleştirilmiş etki büyüklüğü ile istatistiksel gücü arttırmak, çalışmalar arası tutarsızlıkları değerlendirmek ve en iyi yöntem etkinliğini belirlemektir. Bu tez çalışmasında son yıllarda popüler olan ve kanıt değeri en yüksek olan network meta analizinin farklı senaryolar altında uygulanabilirliğini tartışmak, R ve SAS programlarında belirli senaryolar doğrultusunda elde edilen sonuçları karşılaştırmak amaçlanmıştır.

Yöntem: Bu çalışmada üç yöntem (A, B, C) karşılaştırması için; farklı ağ yapılarını (kapalı ve açık) içeren, farklı çalışma sayılarına (dengeli (5-5-5; 10-10-10 / 5-5; 10-10) veya dengesiz (5-5-1; 5-5-10 / 5-1; 5-10)), farklı örneklem büyüklüğüne (n=30, 50, 100) ve farklı heterojeniteye (I²=0,2 (düşük) ve I²=0,5 (orta)) sahip senaryolar altında 1000 tekrarlı simülasyon yürütülmüştür. Bu senaryolar için R programında veri türetilmiştir. Türetilen veriler için R netmeta paketi ve SAS glimmix prosedüründe simülasyonlar yürütülmüş ve network meta analizi sonuçları karşılaştırılmıştır.

Bulgular: Simülasyon çalışmaları sonucunda R netmeta paketinin ve SAS glimmix prosedürünün benzer sonuçlar verdiği, dengeli durumda açık ve kapalı ağlarda çalışma sayısı, örneklem büyüklüğü ve heterojenite fark etmeksizin geçerli tahminler yaptığı fakat bu durumun açık ağlarda dengesiz durumda bir kolda az sayıda çalışma içeren senaryolarda değiştiği görülmüştür. Az sayıda çalışma (5-1) içeren kolda küçük örneklem büyüklüğü (n=30) varlığında iki programın da yöntemler arası var olan farkı tespit edemediği görülmüştür. Bu durumun örneklem büyüklüğü arttıkça değiştiği ve n=100 örneklem büyüklüğünde az sayıda çalışma içeren kol bulunmasına rağmen programların yöntemler arası farkı tespit ettiği görülmüştür.

Sonuç: Simülasyon çalışmalarına göre R netmeta paketinin ve SAS glimmix prosedürünün sonuçlarının farklılık göstermediği fakat her iki yazılımda da network meta analizinin sonuçlarının, bazı senaryolardan etkilendiği görülmüştür. Hem kullanım kolaylığı ve ulaşılabilirliği, hem de sonuçların raporlanmasında sağladığı çeşitlilikten dolayı R programının kullanılması önerilmektedir.

Anahtar Kelimeler: Network meta analizi; R netmeta; SAS proc glimmix; simülasyon çalışması.

SB2

Pediyatrik Büyüme Eğrilerinin GAMLSS ve Kantil Regresyon Yöntemleriyle Karşılaştırılması

Eda ÇAKMAK¹, Ergun KARAĞAOĞLU², Pınar ÖZDEMİR³, Serhat KILIÇ⁴

¹ Başkent Üniversitesi Sağlık Bilimleri Fakültesi, Ankara.

² Lokman Hekim Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara.

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

⁴ Başkent Üniversitesi Tıp Fakültesi, Çocuk Sağlığı ve Hastalıkları Anabilim Dalı, Ankara.

Amaç: Çocukların büyüme ve gelişiminin takibinde klinik olarak değerlendirmede çocuğun boy uzunluğu, vücut ağırlığı, baş çevresi gibi ölçümlerinin aynı yaş grubu ve cinsiyet için normal sınırlar içinde olup olmadığının incelenmesi önemlidir. Çocuklarda büyümenin takibinde büyüme persentillerinden ve büyüme eğrilerinden yararlanılmaktadır. Bu çalışmadaki amacımız büyüme eğrilerinin oluşturulmasında kullanılan GAMLSS ve kantil regresyon yöntemlerini karşılaştırmak ve cinsiyete göre boy uzunluğu ve vücut ağırlığı persentillerini vermektir.

Yöntem: Antropometrik ölçümlerde, dağılımın yapısına göre LMS, LMSP ve LMST yöntemleri ile büyüme eğrileri oluşturulmaktadır. Bu üç yöntemin bir arada modellenmesi GAMLSS (Generalized additive model for location, scale and shape) olarak adlandırılmaktadır. GAMLSS yönteminde, LMS, LMSP ve LMST dağılım parametrelerini tahmin etmek için maksimum cezalı olabilirlik yöntemi kullanılmıştır. Eğrilerde düzleştirme fonksiyonu olarak kübik splinelar kullanılmıştır. Bu üç dağılım için model performanslarını değerlendirmede GAIC değerleri kullanılmış olup bu nedenle ceza katsayısı (#=3) olarak belirlenmiştir. Kantil regresyon yönteminde veride herhangi bir dağılım varsayımı aranmamaktadır. Bu yöntem ile büyüme eğrilerinde en iyi düzleştirmeyi sağlamak için 10-kat çapraz geçerlik ile cezalandırılmış spline yöntemi kullanılmıştır. Büyüme eğrilerinin oluşturulmasında her bir kantil 0.03 - 0.97 aralığında tanımlanması sağlanırken yaşa bağlı düzleştirme parametresinin seçimi ve monotonluk kısıtlamaları sağlanmıştır. Başkent Üniversitesi Ankara Hastanesinde, 2016 – 2021 yılları arasında aynı hekim tarafından muayene edilen 1673 kız ve 1647 erkek çocuk olmak üzere çalışmaya toplamda 3320 çocuk alınmıştır. Analizler R 4.1.2 versiyonunda yapılmıştır. GAMLSS yöntemi için gamlss 5.4-1 paketi, kantil regresyon yöntemi için quantregGrowth 1.4-0 paketi kullanılmıştır.

Bulgular: GAMLSS yöntemi sonucunda cinsiyete göre oluşturulan büyüme eğrilerinde hem komşu eğrilerin birbirine yakınlığı hem de iyi bir şekilde düzleştirilmiş eğrilerin elde edildiği gözlenmiştir. Kantil regresyon yönteminde, büyüme eğrilerinin uç noktalarında kesişme gözlemlenirken veride uygun düzleştirme parametresinin seçimi ve monotonluk kısıtlamaları ile kesişmeyen kantil eğrileri oluşturulmuştur. GAMLSS yöntemine göre boy uzunluğu ve vücut ağırlığı ölçümleri için cinsiyete göre elde edilen 3. - 97. aralığındaki persentil değerler ile kantil regresyon yöntemine göre elde edilen 0.03 – 0.97 aralığındaki kantil değerlerinin birbirine oldukça yakın olduğu gözlenmiştir.

Sonuç: Bu çalışmada, GAMLSS yöntemine göre elde edilen büyüme eğrileri ile kantil regresyon yöntemine göre elde edilen büyüme eğrileri karşılaştırılmıştır. Büyüme eğrilerinin oluşturulmasında eğrilerde esneklik, kesişmeme ve monotonluğun sağlanmasına dikkat edilmelidir. GAMLSS modellerinde kesişmeyen eğrilerin elde edilmesi yazılım algoritmasındaki fonksiyonlar yardımıyla gerçekleşirken, kantil regresyon yönteminde kesişmeyen eğrilerin elde edilmesi için ekstra işlem yapılması gerekmektedir.

Anahtar Kelimeler: Büyüme Eğrileri, LMS-LMSP-LMST, GAMLSS, Kantil Regresyon

SB3

Radyogenomik Alanında Kapsamlı Bir Çalışma: Görüntü ve Genetik Verilerinin Birlikte Kullanılmasının Sınıflama Performansına Etkisi

Merve KAŞIKCI¹, Erdal COŞGUN², Erdem KARABULUT¹

¹ Hacettepe Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara.

² Microsoft Genomics Team, Seattle, USA.

Amaç: Radyogenomik, hastalık mekanizmalarının incelenmesinde medikal görüntü ve genetik verilerin birlikte kullanılmasına odaklanan, güncel bir araştırma alanıdır. Bu çalışmada hastalık histolojisinin görüntü ve genetik özellikler kullanarak sınıflandırılması ve farklı sınıflama yöntemlerinin performanslarının karşılaştırılması amaçlanmıştır. Ek olarak değişken seçiminin sınıflama analizlerine etkisini araştırmak için, değişken seçiminin etkisi senaryolar da değerlendirilmiştir.

Yöntem: Çalışmada The Cancer Imaging Archive'de yer alan Non-Small Cell Lung Cancer (NSCLC) Radyogenomics isimli veri seti kullanılmıştır. Sonuç değişkeni olan histoloji türü adenokarsinom veya skuamöz hücreli karsinom olarak ele alınmıştır. Veri seti DICOM formatındaki CT görüntülerini ve RNA dizilemesinden elde edilen gen ekspresyon verilerini içermektedir. Görüntü ve genetik özellikler ön işleme adımından geçtikten sonra veri seti %70 eğitim, %30 test seti olmak üzere ikiye bölünmüştür. Sınıflama analizleri yalnızca görüntü özelliklerinin, yalnızca genetik özelliklerin ve görüntü ile genetik özelliklerin birlikte modellenmesi ile elde edilmiştir. Sınıflamada elastic net, random forest, support vector machines ve XGBoost dahil olmak üzere farklı algoritmalar kullanılmıştır. Sınıflama analizleri özellik seçimi yapılmadan ve iki ayrı özellik seçimi yaklaşımı (ROC eğrisi altında kalan alan ve özyinelemeli özellik eleme) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Sınıflama modellerinin test seti performansları dengeli doğruluk, duyarlılık, pozitif kestirim değeri ve F1 skor gibi ölçüler kullanılarak değerlendirilmiştir. Ayrıca gerçek veri setinin özelliklerine dayalı bir benzetim çalışması yapılmıştır. Gerçek veri setine uygulanan işlemlerin tamamı benzetimle elde edilmiş veri setlerine de uygulanmıştır.

Bulgular: Gerçek veri seti uygulamasının sonuçlarına göre değişken seçiminin yapılmadığı ve AUC yaklaşımı ile yapıldığı senaryolarda, görüntü özelliklerinin ve genetik özelliklerin birlikte XGBoost yöntemi ile modellenmesi, tek başlarına modellenmelerine göre F1 skorda artış sağlamıştır. Benzetim çalışması sonuçlarına göre değişken seçimi yapılmadan görüntü ve genetik özelliklerinin birlikte kullanılması tek başlarına kullanılmalarına göre XGBoost yönteminde genel olarak performans ölçülerinde artış sağlamıştır. Değişken seçiminin yapıldığı sonuçlarda ise XGBoost yöntemine ek olarak Elastic net yönteminin de sınıflama performanslarının iyileştiği görülmüştür.

Sonuç: Gerçek veri seti uygulaması ve benzetim çalışmasının sonuçları özellik seçimi yapılmasının sınıflama performansları üzerinde önemli bir etkisinin olmadığını göstermektedir. XGBoost ve Elastic Net algoritmaları, görüntü ve genetik özellikler gibi farklı veri kaynaklarının birleştirilerek kullanıldığı sınıflama modellerinde başarılı bir performans sergilemişlerdir.

Anahtar Kelimeler: RNA dizileme, DICOM, sınıflama, benzetim

SB4

Türkiye ve OECD Ülkelerinde Sağlık Sektörü Durumu ve Modellenabilir Öngörüler

Gülcan GENCER¹, İsmet DOĞAN¹

¹ Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik ve Tıbbi Bilişim Anabilim Dalı, Afyonkarahisar.

Amaç: Bu çalışmada, istatistiksel dağılımlar yardımı ile Türkiye’de ve Ekonomik İşbirliği ve Kalkınma Örgütü (OECD) ülkelerinde sağlık istatistiklerinin mevcut durumunun ortaya konulması ve sağlık sektörüne ilişkin öngörülerde bulunulması amacıyla, istatistiksel modelleme yapılmıştır.

Yöntem: Çalışmada, Sağlık Bakanlığı tarafından en son yayınlanan 1967 yılından 2022 yılına uzanan Sağlık istatistikleri ve OECD ülkeleri sağlık göstergelerinden faydalanılarak oluşturulan veriler kullanılmıştır. Sağlık istatistiklerini modellemek için bilinen istatistiksel dağılımlardan faydalanılmıştır. Modellerin uyumunu kanıtlamak için uyum iyiliği testlerinden Kolmogorov Smirnov testi uygulanmıştır. Karar verilen modellerin geçerliliği Akaike information criterion (AIC), Bayesian information criterion (BIC) ve $-2(\log\text{-likelihood})$ değerleri ile gösterilmiştir.

Bulgular: Türkiye’de ve OECD ülkelerinde sağlık istatistiklerinin Weibull, Log-lojistik ve Gamma dağılımlarından biri ile modellendiği görülmüştür.

Sonuç: Sonuç olarak ülkelerin, sağlık hizmeti sunumunda bu modellemeleri ve karşılaştırmaları dikkate alarak sağlık sektörünün mevcut durumunu ortaya koymak ve modellemesi yapılan öngörüler açısından mevcut durumun değerlendirilerek etkin bir planlama yapılmasının sağlanması gerektiği ortaya konmuştur.

Anahtar Kelimeler: Sağlık istatistikleri, Sağlık sektörü, Sağlık personeli, OECD, Modelleme

SB5

Ölçek Sonuçlarını Kesim Noktalarıyla Kategorileştirmek Hipotez Testi Sonuçlarını Etkiler mi?

Uğurcan SAYILI^{1,2}, Esin SİDDİKOĞLU², Deniz TURGUT², Hamza Emre ARİSLİ², Betül CEYHAN², Mehmet Güven GÜNVER³, Sevda Özel YILDIZ³, Eray YURTSEVEN³, Ethem ERGİNÖZ²

¹ İstanbul Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Biyoistatistik Anabilim Dalı, İstanbul.

² İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa, Cerrahpaşa Tıp Fakültesi, Halk Sağlığı Anabilim Dalı, İstanbul.

³ İstanbul Üniversitesi, İstanbul Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, İstanbul.

Amaç: Bu çalışmanın amacı, ölçek puanlarını kesme noktaları ile kategorize ettikten sonra hipotez testi sonuçlarını değerlendirmek ve kategorileri en iyi temsil eden gruplarda hipotez testlerinden benzer sonuçların elde edilip edilmeyeceğini değerlendirmektir.

Yöntem: Bu araştırma 15-20 Mart 2023 tarihleri arasında LimeSurvey online anket platformunda gerçekleştirildi. Dahil edilme kriterleri: 18-64 yaş arası, Türk vatandaşı, okuryazar olmak ve çalışmaya katılmayı kabul etmektir. Bu çalışma İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa Tıp Fakültesi Etik Kurulunca onaylandı (10.03.2023-638920). Anketin birinci bölümünde bireylerin sosyodemografik durumları ve yaşam özelliklerine ilişkin sorular bulunmaktaydı. Bunlar; cinsiyet, yaş, vücut kitle indeksi (VKİ), gelir, kitap okuma sıklığı, fiziksel aktivite sıklığı, beden imaj algısı, ilaç kullanımı, sağlık durumu, yaşam memnuniyeti, yaşam kalitesiydi. İkinci bölümde Beck Depresyon Envanteri II (BDE-II) kullanıldı. Katılımcıların tümüyle veri analizi yapıp geleneksel analiz grubu olarak adlandırıldı. BDE-II'nin kesim noktaları kullanılarak dört grup oluşturuldu. Sonra BDE-II'ye göre oluşan grupları en iyi temsil edecek 6 alt-analiz grubu belirlendi. Her bir BDE-II kategorisinde Q1-Q3 arasındakileri içeren, rastgele %50'sini içeren, ± 1 standart sapma içerisindekileri içeren, 5p-95p arasındakileri (örneklem %90'ını) içeren, 2,5p-97,5p arasındakileri (örneklem %95'ini) içeren beş alt-analiz grubu oluşturuldu. Örneklem büyüklüğü G-power 3.1 ile 0.10 küçük etki büyüklüğü, α hata payı 0.05, güç(1- β) :0.8, Df: 6 olarak alındığında 1363 olarak hesaplandı. Verilerin analizi SPSS version 21.0 software (IBM Corp., Armonk, NY, USA) kullanılarak yapıldı. Ki-kare ve Kruskal-Wallis testi kullanıldı. İstatistiksel testlerin anlamlılık düzeyi $p < 0.05$ olarak kabul edildi.

Bulgular: 1950 katılımcının %84,7'si (1652) kadın ve %15,3'ü (298) erkekti. Katılımcıların %47,9'u (n: 935) minimal depresyon (0-13 puan), %24,1'i (n: 469) hafif depresyon, %19,2'si (n: 375) orta depresyon ve %8,8'i (n: 171) ağır depresyon grubundaydı. Geleneksel analiz grubunu depresyon açısından incelediğimizde VKİ ve kitap okuma sıklığı için istatistiksel olarak anlamlı bir fark görülmezken; cinsiyet, gelir, fiziksel aktivite, bireysel sağlık durumu, beden imajı, ilaç kullanımı, yaşam memnuniyeti, yaşam kalitesi değişkenlerinde istatistiksel açıdan anlamlı bir fark gözlemlendi. Cinsiyet ($p=0.039$), yaş ($p=0.01$) ve ilaç kullanımı ($p=0,009$) dışında anlamlı çıkan tüm değişkenlerin p değeri < 0.001 bulundu. Tüm testleri alt analiz gruplarımızda aynı değişkenlerle tekrarladığımızda ise p değeri 0.001'in altından bulunan değişkenler istatistiksel açıdan anlamlılığını korurken p değeri 0.05'e yaklaşan cinsiyet, yaş ve ilaç kullanımı değişkenleri anlamlılığını tüm alt analiz gruplarında koruyamadı.

Sonuç: Bu araştırmanın sonuçları, geleneksel analiz grubunda $p < 0.001$ olan değişkenlerin diğer analiz gruplarında da anlamlılığını koruduğunu gösterdi. P-değeri 0.05'e yaklaştıkça analiz gruplarındaki farklı kesim noktalarına göre anlamlılığın değiştiği görüldü.

Anahtar Kelimeler: Ölçek, kesim noktası, kategorizasyon

SB6

Power Analysis for Multiple Linear Regression Models with R Shiny Web Tool (PwrMLinR)

Ayhan PARMAKSIZ¹, Reha ALPAR²

¹ Istanbul Health and Technology University Department of Biostatistics, İstanbul.

² Istanbul Health and Technology University Department of Biostatistics, İstanbul.

Aim: Power analysis is an extremely important stage that should be addressed in the planning phase of studies conducted in the field of health. This study aims to introduce a web tool (PwrMLinR) developed to calculate the power of the study in multiple linear regression models.

Materials and Methods: It is clearly known that four concepts (effect size, sample size, Type I error, and Power (or Type II error) are related. One of them can be calculated given that the rest of them are known (additionally, in some cases the direction of the hypothesis must be determined). In this tool, the 'post hoc' power analysis method (stated in the GPower terminology) was preferred to calculate the power for any sample size. (In the GPower software, 'post hoc' is the name of the option that only gives the power value. Although this is not the case, the name causes a misunderstanding that it is a procedure that should be applied after the study is completed.) The effect size is the most problematic parameter. Especially, there are several power analysis approaches for multiple linear regression that depends on different effect size measures such as R-squared, partial R-squared, f-squared, partial correlation coefficient, and semi partial correlation coefficients. But to conduct a power analysis these statistics are very hard to obtain from the researchers or clinicians. So, in this web tool, the zero-order correlation coefficients were preferred as effect size. Because researchers can find zero-order correlation coefficients more easily than the other effect size statistics in the literature using different papers.

Results: PwrMLinR calculates the statistical power of each independent variable for a sample size planned in a multiple linear regression model. PwrMLinR also produces the sampling distribution of 'p-squared' and calculates the probability of obtaining 'R-squared' in a given interval using the sampling distribution.

Conclusion: In general, the researcher has a number in her/his mind for the 'sample size' of her/his study, so if the researcher can find the 'effect size' (correlations) this tool enables the researcher to calculate the power for each independent variable, separately. In this way, the researcher can modify the model by excluding any independent variables that have small contributions to the model and recalculate the power. Or, the researcher can also recalculate the power with different correlations and sample size.

Keywords: Multiple Linear Regression, Post Hoc Power Analysis, Shiny, Web tool.

SB7

Derin öğrenme yöntemlerinden, görüntü analizinde kullanılan konvolüsyonel sinir ağları mimarilerinin COVID-19 tanısında kullanılması

Işıl ÜNALDI¹, Leman TOKMAK¹

¹ Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, Samsun.

Amaç: COVID-19 dünyanın dört bir yanında sağlık ve ekonomilere zarar veren çeşitli varyantlarıyla devam ederken, RT-PCR testine etkili bir tamamlayıcı tarama yöntemi olarak BT (bilgisayarlı tomografi) görüntülemenin kullanılmasından hareketle, görüntüden hastalık sınıflandırmasının yüksek doğrulukla yapılması gerekmektedir. Bu çalışma ile göğüs BT görüntüleri üzerinden, COVID-19'un doğru ve hızlı bir şekilde tespit edilebilmesine olanak sağlayan, önceden eğitilmiş ve transfer öğrenme tekniğiyle yeni veri setleri için kullanılabilen KSA (konvolüsyonel sinir ağları) mimarileri kullanılarak hastalığın belirlenmesi ve çeşitli performans ölçüleriyle sınıflandırma başarılarının karşılaştırılarak değerlendirilmesi amaçlanmaktadır.

Yöntem: Çalışmada, Kaggle üzerinden erişim sağlanan açık kaynak SARS-COV-2 Ct-Scan Dataset kullanıldı. Veride, toplam 2482 hastanın BT görüntüsü olup, bunlardan 1252'si COVID-19 tanılı, 1230 hasta ise COVID-19 değildi. Hastalığın sınıflandırması KSA mimarilerinden Xception, DenseNet121, DenseNet201, ResNet101, NasNetLarge ve NASNetMobile ile yapıldı. Mimarilerin performansları doğruluk, duyarlık, seçicilik, kesinlik ve F1 skoru ile değerlendirildi. Verilerin analizinde Python programlama dili ile Keras kütüphanesi kullanıldı.

Bulgular: Çalışmada en yüksek performansı gösteren mimari %97,38 doğruluk, %96,41 duyarlık, %98,18 seçicilik, %97,73 kesinlik ve %97,07 F1 skoru değerleri ile Xception olurken, en düşük performansa sahip mimariler %50'nin altında doğruluk değerleri veren NasNetLarge, NasNetMobile ve ResNet101 oldu. Diğer mimarilerin performans değerleri ise; DenseNet121 ile %96,58 doğruluk, %95,52 duyarlık, %97,45 seçicilik, %96,82 kesinlik ve %96,16 F1 skoru; DenseNet201 ile %95,37 doğruluk, %99,10 duyarlık, %92,34 seçicilik, %91,32 kesinlik ve %95,05 F1 skoru şeklinde elde edildi.

Sonuç: Sonuç olarak, COVID-19 tanısında, Xception, DenseNet121 ve DenseNet201 mimarilerinin %95'in üzerinde doğruluklarla yüksek performansla çalıştıkları, ResNet101, NasNetLarge ve NasNetMobile mimarilerinin ise başarısız olduğu tespit edildi. Bu çalışmada, COVID-19'un BT görüntüleri kullanılarak tespit edilmesinde KSA yönteminin, veriye uygun mimariler ile çalışıldığı takdirde klinisyenlere yardımcı olacak etkili bir tamamlayıcı tarama yöntemi olduğu ve bu sayede hastalık en kısa sürede tespit edilerek, tedavi etkinliğinin artırılacağı, hastalığın yarattığı olumsuzlukların önüne geçilebileceği ortaya konulmuştur.

Anahtar Kelimeler: Bilgisayarlı tomografi, Görüntü sınıflandırma, Derin öğrenme, Konvolüsyonel Sinir Ağları, Covid-19

SB8

Specifying The Boundaries of Gray Zone in Diagnostic Tests with Information Criteria

Ebru ÖZTÜRK¹, Ergun KARAAĞAOĞLU², and Jale KARAKAYA¹

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

² Lokman Hekim University, Faculty of Medicine, Department of Biostatistics, Ankara.

Aim: Medical decision-making typically ends with binary outcomes, like determining whether a person has a condition or not and whether they should undergo treatment. This involves gathering various information from patients, such as their complaints, family history, symptoms, and diagnostic test results, to either rule-in or rule-out a disease. Consequently, the decision-making process becomes complicated. While some diagnostic tests may not perfectly distinguish between patients, they are commonly used in clinical settings due to their speed, ease of use, and cost-effectiveness. One approach for evaluating ordinal and quantitative diagnostic tests for patient diagnosis is to define an optimal cut-off point. However, using this cut-off point can result in misclassifying some diseased individuals as non-diseased and vice versa. To address this issue, there are techniques in the literature known as a "gray zone" or "middle inconclusive area." In this context, test results falling within this gray zone are considered inconclusive, meaning that individuals in this range are neither definitively diseased nor non-diseased. To establish the gray zone, lower and upper boundaries need to be determined. In this study, we aimed to propose a novel algorithm based on information theory for specifying the boundaries of the gray zone. Moreover, we aimed to compare this algorithm with the existing algorithms known as the "grey zone" and the "uncertain interval" ones via a comprehensive simulation study.

Materials and Methods: The proposed algorithm is grounded in the concept of joint entropy. To assess how well our proposed algorithm performs compared to these existing methods, we conducted a comprehensive simulation study. To compare the performance of the proposed algorithm with existing approaches, we focused on the length of the gray zone under the condition of a fixed area under the receiver operating curve outside the gray zone. For simulation scenarios, we considered various factors, including a disease prevalence as 0.5, different effect sizes as medium and large ($d=0.5$, $d=0.8$, and $d=1.2$), variance ratios between diseased and non-diseased subjects as equal and unequal, and sample sizes as 50, 100, and 200.

Results: When variances are equal, the proposed algorithm consistently achieves the smallest gray zone length. However, in scenarios with unequal variances, it outperforms other methods in specific cases.

Conclusion: The proposed algorithm's performance was as good as or in some scenarios even better than the other algorithms when dealing with diagnostic tests that had poor to fair discriminative ability.

Keywords: Diagnostic tests, medical decision making, gray zone, information criteria

SB9

Tek Değişkenli Analiz Yöntemleri ile Yapısal Eşitlik Modellemesi Çoklu Grup Analizi Sonuçlarının Karşılaştırılması

Feyza İNCEOĞLU¹, Serdar DENİZ²

¹ Malatya Turgut Özal Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı, Malatya.

² Malatya Turgut Özal Üniversitesi Tıp Fakültesi Halk Sağlığı Anabilim Dalı, Malatya.

Amaç: Değişken gruplarının tanımladığı yapılar ve bu yapıların arasında olan ilişkilerin incelenmesi için kurulan hipotezleri test etmek için yapısal eşitlik modelleri (YEM) kullanılmaktadır. YEM analizlerinde hem gizil ve gözlemlenebilen değişkenlerin aynı anda incelenebilmesi hem değişkenler arasındaki ilişkilerin test edilmesine imkân sağlaması nedeni ile ileri seviye olan araştırma düzenlerinde daha çok tercih edilmektedir. Literatürde yer alan çalışmalar incelendiğinde, puanlarında sadece tek bir ölçek toplam puanı için demografik değişkenlerin farklılık gösterip göstermediği analiz edilmiştir. Bu çalışmada yapılan bu analizlere ek olarak, iki ölçek puanı arasında kurulan yol analizi üzerinden her bir değişken ayrı ayrı analize alınmıştır. Her bir demografik değişken için ayrı modeller ve hipotez kurulmuş ve doğruluğu kontrol edilmiştir.

Yöntem: Malatya Turgut Özal Üniversitesi Girişimsel Olmayan Klinik Araştırmalar Etik Kurulu Yönergesine göre 2022/31 karar numaralı onay alınmıştır. 2022 yılı Nisan -Eylül aylarında 719 katılımcıya ait veri kullanılmıştır. Çalışmada sosyodemografik veri formu (cinsiyet, gazete okuma, acil servise son 12 ayda yapılan başvuru, kronik hastalık), Siberkondriya Ölçeği (SÖ) ve Avrupa Sağlık Okuryazarlığı Ölçeği (SOY-AB-Q47) kullanılmıştır. SPSS 26.0 ve AMOS 23 programları kullanılarak analizler yapılmıştır. İlk olarak tek değişkenli analiz yöntemleri (iki ortalama arasındaki farkın anlamlılık testi ve ANOVA) ile karşılaştırmalar yapılmış daha sonra YEM analizi uygulanmış ve kurulan modelde sosyodemografik değişkenler ölçekler arasındaki yol katsayısını gösteren ok üzerine kodlanarak analiz yapılmıştır.

Bulgular: Çalışmaya 18-50 yaş arası alınan katılımcıların 377'si (%52.4) kadın, 342'si (%47.6) ise erkektir. Tek değişkenli analiz sonuçlarında cinsiyet ($psö=0.255$, $pSOY=0.583$), kronik hastalık ($psö=0.064$, $pSOY=0.082$), gazete okuma ($psö=0.919$, $pSOY=0.725$) ve son 12 ayda acil servise yapılan başvuru sayısına ($psö=0.713$, $pSOY=0.154$), göre SÖ ve SOY-AB-Q47 puanlarında istatistiksel olarak anlamlı farklılık bulunmamıştır. SÖ puanı SOY-AB-Q47 üzerinde negatif yönde anlamlı etkisinin olduğu ($\beta_1=-0.434$; $p=0.003<0.05$) bulunmuştur. SÖ; SOY-AB-Q47 puanındaki değişimlerin %19.0'unu açıklamaktadır ($R^2=0.19$). Kurulan modele ait uyum iyiliği indeksleri incelendiğinde χ^2/df 1.953, RMSEA 0.036, GFI 0.987, IFI 0.908, CFI 0.903 modelin yeterli olduğu bulunmuştur. SOY ve SÖ arasındaki ilişkide; kadınlarda ($\beta_1=-0.476$; $p=0.032$), erkeklerde ($\beta_1=-0.388$; $p=0.034$), kronik hastalığı olmayanlarda ($\beta_1=-0.506$; $p=0.004$), kronik hastalığı olanlarda ($\beta_1=-0.506$; $p=0.003$), gazete okumayanlarda ($\beta_1=-0.332$; $p=0.007$), acile 1-5 kez başvuranlarda ($\beta_1=-0.332$; $p=0.003$), acile 6-10 kez başvuranlarda ($\beta_1=-0.805$; $p=0.044$) farklılık vardır.

Sonuç: Tek değişkenli analiz yöntemleri ile yapılan hesaplamalarda istatistiksel farklılık bulunmamıştır. Kurulan YEM ile ölçek puanları arasındaki ilişkide sosyodemografik değişkenlerin etkisi ortaya çıkarılmıştır. Gizil ve gözlemlenen değişkenlerle hata oranlarının analizlere dahil edilmesi ile kayıplar en aza indirgenecektir. Çok değişkenli analiz yöntemlerinin tercih edilmesi ile hatasız, yansız ve etkin tahminler yapılarak sonuçlar araştırmacılara sunulacaktır.

Anahtar Kelimeler: Yapısal Eşitlik Modellemesi, Çoklu Grup Analizi, Siberkondriya, Sağlık Okuryazarlığı

SB10

Alzheimer Hastalığı Seviyelerinin Sıralı Lojistik Regresyon ve Yapay Öğrenme Algoritmaları Yöntemiyle Belirlenmesi

Nurgül BULUT¹, Tuna ÇAKAR², İlker ARSLAN³, Kevser Setenay ÖNER⁴

¹ Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi AD., İstanbul Medeniyet Üniversitesi, İstanbul.

² Bilgisayar Mühendisliği AD., MEF Üniversitesi, İstanbul.

³ Makine Mühendisliği AD., MEF Üniversitesi, İstanbul.

⁴ Biyoistatistik AD., Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Eskişehir.

Amaç: Demans türleri içinde en sık görülen Alzheimer hastalığı (AH) geri dönüşünü olmayan nörodejenaratif bir hastalıktır. Erken evrelerde tedaviye başlamak günlük işleyişin bir süre korunmasına yardımcı olmaktadır. Tanı için klinik bulgular, görüntüleme yöntemleri, laboratuvar incelemeleri, genetik testler ve nöropsikolojik envanterler, yapay zeka modellerinde hastalığın tespit edilmesine yardımcı olmaktadır. Bu amaçla, AH tanısında kullanılan envanter ve ölçümlerle lojit ve farklı makine öğrenmesi algoritmalarıyla hastalık seviyelerini belirlemek için modeller kuruldu ve performans ölçütlerine göre değerlendirildi. Farklı senaryolu model sonuçlarının, AH düzeylerini sınıflandırması ve literatüre önerilmesi amaçlandı.

Yöntem: Ulusal Alzheimer Koordinasyon Merkezi (NACC) veri tabanından hastalara ait demografik, genetik, nörobilişsel envanter sonuçları ve bunlara eklenen MRG tarayıcılarından hesaplanan beyin hacim/kalınlık ölçümleriyle AH'nin 4 farklı sıralı düzeyleri Sıralı Lojistik Regresyon, Rastgele Orman, Gauss Naif Bayes, Aşırı Gradyan Arttırma (XGBoost), Hafif Gradyan Arttırma (LightGBM) ve Derin Sinir Ağı modelleri ile karşılaştırıldı. MRG tarayıcılarından elde edilen çok değişkenli ölçümlere, yüksek boyutlu doğrusal yapıda olmayan özellikleri yakalayarak daha düşük boyuta indirgeme yöntemlerinden olan yerel doğrusal gömme (Locally Linear Embedding-LLE) algoritması sonuçları optimize edilerek modellere dahil edildi. Hem aşırı öğrenmeyi engellemek hem de en iyi model performansını sağlayacak hiperparametreleri bulmak için ızgara tarama (grid search) yöntemi bütün model geliştirme süreçlerinde kullanıldı. Sınıf dengesizliği sorunu için kullanılan gelişmiş yeniden örnekleme tekniklerinden sentetik örneklem artırma yöntemi (Synthetic Minority Sampling Method-SMOTE) uygulandı. Son olarak performansı en iyi bulunan modelin çıktıları SHAP (SHapley Additive exPlanations) yöntemi ile açıklandı.

Bulgular: Model geliştirme çalışmaları sonucunda elde edilen bulgular değerlendirildiğinde SMOTE uygulanmayan Rastgele Orman algoritması ile geliştirilen modellerin F1-skor, Doğruluk ve AUC metriklerinin diğer modellerden daha yüksek performans gösterdiği bulundu (F1 skoru: 0,86; doğruluk: 0,86 ve AUC: 0,95). Bu modele katkısı en yüksek olan değişkenlerin FAQ, MMSE ve NPI envanterlerinin olduğu tespit edildi.

Sonuç: Alzheimer hastalığının farklı düzeylerini tahmin etmek için uygun maliyetli ve yaygın kullanılan invazif olmayan belirteçlerle erken tedavide riskli şüpheli hastaları belirlemek için NACC veri tabanlı makine öğrenmesi metodolojilerimiz kullanılabilir. Elde edilen bulgular eğitim ve test veri kümeleri için de benzer düzeyde performans göstermekte olduğundan bu modellerin genellenebilir olduğu iddia edilebilir.

Anahtar Kelimeler: Alzheimer Hastalığı, Makine Öğrenmesi, Ulusal Alzheimer Koordinasyon Merkezi

SB11

Çocuk Davranışlarını Yönetme İçin Besleme (ÇDYB) Ölçeği: Türkçe 'ye Uyarlama, Geçerlik ve Güvenilirlik Çalışması

Murat YÜCEL^{1,2}, Ümüş Özbey YÜCEL³

¹ Akdeniz Üniversitesi Elmalı Meslek Yüksekokulu, Bilgisayar Programcılığı, Antalya.

² Eskişehir Osmangazi Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Biyoistatistik A.D., Eskişehir.

³ Amasya Üniversitesi Sağlık Bilimleri Fakültesi, Beslenme ve Diyetetik A.D., Amasya.

Amaç: Bu çalışma Çocuk Davranışlarını Yönetme için Beslenmelerini (ÇDYB) belirlemek amacıyla kullanılan "Feeding to Manage Child Behavior Questionnaire (FMCBQ)" ölçeğinin Türkçeye uyarlanması amacıyla planlanmış ve yürütülmüştür.

Yöntem: Antalya-Türkiye'de bulunan ana okullardaki 2-6 yaşları arasında çocuğu olan ve araştırmaya katılmaya gönüllü olan 256 ebeveyn (anne veya baba) araştırmanın örneklemini oluşturmaktadır. Orijinal hali FMCBQ her biri 5 puanlık likert tipinde 9 maddeden ve 2 alt boyuttan oluşmaktadır. İlk etapta hem İngilizce hem Türkçe dillerine hakim olan uzmanlar ile ölçeğin İngilizceden Türkçeye çevirisi yapılmıştır. Oluşan taslak ölçek Beslenme ve Diyetetik alanında beş öğretim üyesinin görüşüne sunulmuş ve anlam bütünlüğü, tutarlılık ve dil bilgisi açısından değerlendirilmiş ve Kapsam Geçerlilik Oranı (KGO) ve Kapsam Geçerlilik İndeksi (KGİ) hesaplamaları yapılmıştır. Örneklem büyüklüğü için Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) testi kullanılmıştır. Geçerlilik sürecinde ölçek Açıklayıcı Faktör Analizi (AFA) ve Doğrulamalı Faktör Analizi (DFA) ile test edilmiştir. DFA'da modelin uyumu RMSEA, TLI, CFI, GFI ve AGFI ile değerlendirilmiştir. Güvenilirlik sürecinde Cronbach alfa katsayısı ve split-half, Hotelling T² testi ve Tukey testi kullanılmıştır.

Bulgular: Uzmanların görüşü alınarak yapılan hesaplamalar sonucu KGO değeri her bir madde için 1 olarak, KGİ değeri de tüm ölçek için 1 olarak bulunmuştur. Ölçekteki maddeler arasındaki korelasyon 0.225 ile 0.738 arasında değişmektedir. Maddelerin ortak varyansları ise 0.496 ile 0.699 arasındadır. KMO testi sonucu 0.883 olarak, Bartlett testi sonucu ise anlamlı bulunmuştur (p<0.05). FMCBQ Ölçeği orijinalinde 9 madde ve 2 alt boyuttan oluşmaktadır. Ancak AFA sonucunda özdeğeri 1'den büyük olan üç faktörlü yapı belirlenmiş ve bu üç faktörün varlığı yamaç çizgi grafiği ile doğrulanmıştır. Birikimli varyans değerleri üç faktör için %70.9 olarak hesaplanmıştır. Bu sonuçlara göre ölçeğin Türkçe versiyonu 3 alt boyut ve 9 madde olarak belirlenmiştir. Faktör yükünü artırmak için Varimax yöntemi kullanılmıştır. Faktör yükleri 0.629 ile 0.903 arasındadır. DFA uyum indeksi (χ^2/sd) 1.632, RMSEA değeri 0.056 olarak bulunmuştur. Diğer DFA uyum indekslerinden TLI=0.965, CFI=0.977, GFI=0.957, AGFI=0.920 olarak bulunmuştur. Ölçeğin faktör yükleri 0.44-0.93 arasında değişmektedir.

Ölçek tesadüfi olarak ikiye bölünerek iki parça arasındaki ilişki Spearman Brown yaklaşımı ile hesap edilerek 0.76 olarak bulunmuştur. İki parçanın her biri için cronbach alfa katsayısı 0.70'ten büyüktür. Hotelling's T² testi (p<0.05) ile ölçeğin yansız olduğu bulunmuştur. Ölçeğin tümü için Tukey testi sonucu anlamlı (p<0.05) ancak her bir alt boyut için p>0.05 bulunmuştur. Ölçeğin maddelerinin tamamı için Cronbach alfa katsayısı 0.838'dir.

Sonuç: ÇDYB Ölçeği 3 faktörlü 9 maddeli olarak Türkçe 'ye uyarlanmıştır. Bu çalışmada ölçeğin Türkçe 'ye uyarlanmış hali geçerli ve güvenilir olduğu bulunmuştur.

Anahtar Kelimeler: Türkçe 'ye Uyarlama, Geçerlik, Güvenilirlik, Çocuk Besleme, Beslenme

SB12

Geçmişten Günümüze Sentetik Kontrol Metodunun Sağlık Alanında Kullanımı

Nadire Eraslan MASALCI¹, Nurgül BULUT¹, Handan ANKARALI¹

¹ Biyolojik Veri Bilimi AD., İstanbul Medeniyet Üniversitesi, İstanbul.

Amaç: Sentetik kontrol metodu (SKM), randomize kontrollü deneyler yapılamayan, nüfus bazında müdahalelerde kullanılan karşılaştırmalı vaka çalışmalarında kullanılır. Çalışmamızda, bu metot hakkında genel bir çerçeve çizmek, yöntemin avantaj/dezavantajlarını ve kısıtlarını sunmak, geçmişten günümüze sağlıkla ilgili yapılan tüm sentetik kontrol çalışmalarını listelemek ve başka çalışmalara ufuk sunması amaçlandı.

Yöntem: SKM, nüfus bazında müdahalelerde yeterli sayıda kontrol birimine ulaşamadığında kullanılmaktadır. Yöntemde kontrol birimi için bir donör havuzu oluşturulup, bu havuzu ağırlıklandırıp sentetik bir kontrol grubu oluşturulmaktadır. Böylece yöntem, geleneksel karşılaştırmalı vaka çalışmalarındaki kontrol birimi seçimi belirsizliğini ortadan kaldırarak müdahaleye maruz kalan birim için karşı olgusallık sağlamaktadır.

Yapılan sağlık politikası müdahale değişkeni olarak, müdahalenin etkili olduğu değişken çıktı değişkeni olarak alınmaktadır. Donör havuzu, müdahale ülkenin tamamında olduğunda toplumsal yapı, siyasi yapı, gayri safi yurtiçi hasıla gibi değişkenler benzer ülkelerden belirlenirken, müdahale sadece bazı il veya eyaletleri kapsadığında müdahalenin olmadığı il veya eyaletlerden seçilmektedir.

Günümüze kadar sağlık alanında SKM'yi kullanan çalışmaları tespit etmek için Pubmed, Scopus, Medline, DergiPark ve Web of Science gibi veri tabanlarındaki makaleler tarandı. Dil kriteri İngilizce ve Türkçe yazılmış olan makaleler seçildi. Tarama Ekim 2023 tarihinden önce yayınlanmış olan makalelerde yapıldı. Anahtar kelime "sentetik kontrol metodu" olarak makale başlığı, özet ve anahtar kelime bölümleri için arandı. Listeleme sonucunda elde edilen makalelerden tekrarlananlar çıkarıldı, kalanlar içinden özet kısımları taranıp sağlık alanıyla ilişkili olanları seçildi. Son olarak amaca uygunlukları kontrol edilerek tüm makalelerin okumaları yapıldı. Sonucun güvenilirliği ilk araştırmacıdan sonra ikinci araştırmacı içinde listeleme yapılarak sonuçlar teyit edildi.

Bulgular: SKM genellikle ekonomi, iktisat ve siyaset alanlarında kullanılan bir metot olduğu gözlemlendi. Ülkemizde de yine aynı alanlarda çalışıldığı tespit edildi. Sağlık alanında ise ülkemiz dışındaki bilimsel çalışmalarda bu yöntemin kullanıldığı görüldü. SKM'nin başta ABD, İngiltere ve Afrika ülkeleri olmak üzere birçok ülkede yapılan sağlık politikalarında kullanıldığı görüldü. Bu politikaların, sigara kullanım politikaları, mental sağlık, donör programları, sağlık çalışanlarına uygulanan ücret- ek ücret politikaları, donör programları, çocuk ölümleri, çocuk sağlığı, iş verimi gibi konular olduğu tespit edildi.

Sonuç: SKM çoğunlukla ekonomi, politika vb. alanlarda kullanılan bir istatistiksel metottur. Sağlık alanında kullanımı da oldukça etkindir. Nitekim farklı ülkelerin sağlık politikalarını incelemek için araştırmalarda kullanılmıştır. Fakat ülkemizde kullanıma açık birçok alan mevcuttur. Ülkemizde özellikle 2003 yılı ve sonrasında Sağlıkta Değişim Politikası kapsamında çıkarılan çeşitli kanunlarla sağlık alanında düzenlemelere gidildi. Bu düzenlemelerin etkisi araştırmacılar tarafından çeşitli yöntemlerle incelenmiş olsa da SKM henüz kullanılmamıştır. E-nabız ve MHRS teknolojileri, Toplum Sağlığı Merkezleri, Aile Hekimliği uygulaması, sağlık çalışanlarının maaş politikaları, Kamu Özel Ortaklığı modeli ve Kamu Hastaneleri Birliği gibi birçok politikanın verimlilik incelemesi SKM ile çalışılmaya uygun alanlardandır.

Anahtar Kelimeler: Sentetik Kontrol Metodu, Sağlık Politikaları, Biyoistatistik

SB13

Tıp Fakültesi Öğrencilerinin Biyoistatistik Eğitimi Sürecinde Bilgisayar Dersine İlişkin Tutumları, Bilgisayar Kullanım ve Bilgi Düzeyi

İsmail YILDIZ¹, Zeki AKKUŞ¹, Hülya ÖZEN²

¹ Dicle Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Diyarbakır.

² Sağlık Bilimleri Üniversitesi, Gülhane Tıp Fakültesi, Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, Ankara.

Amaç: Gelişen bilgisayar teknolojisi, iletişim ağı, üretilen bilgi, uluslararası rekabet ve kısıtlı zaman dikkate alındığında geleceğin hekimleri olan tıp fakülteleri öğrencileri için bilgisayar teknolojilerinin etkin kullanımı oldukça önemlidir. Bilgisayar teknolojilerinin pandemi sürecinde uzaktan eğitimde önemli bir rol oynadığı görülmüştür. Öğrencilerin bilgisayara karşı bilgi, tutum ve davranışları ile eğitim düzey ve çeşidi arasındaki ilişkileri bilimsel olarak ortaya koymak gelecekteki eğitim biçimini ve işlerliğini değerlendirme bakımından giderek önem kazanmaktadır. Bu çalışmanın amacı, Dicle Üniversitesi Tıp Fakültesi öğrencilerinin bilgisayara karşı tutum ve becerilerini belirlemektir.

Yöntem: Bu çalışmada daha önce Berberoğlu ve Çalıkoğlu (1991) tarafından Türkçe'ye uyarlanan "Bilgisayar Tutum Ölçeği" kullanılmıştır. Ölçek, 2021-2022 eğitim öğretim yılında Dicle Üniversitesi Tıp Fakültesi'nde eğitim alan toplam 224 öğrenciye yüzyüze görüşme yöntemi ile uygulanmıştır. Ölçeğin değerlendirilmesinde ki-kare testi ve t-testi istatistiksel yöntemleri kullanılmıştır.

Bulgular: Toplam 300 öğrenciden 224 öğrenci (%75) ölçek maddelerine cevap vermiştir. Çalışmada kullanılan ölçeğe; %57,2 Erkek ve %42,8 Kız öğrenci cevap verdi. Anket sonuçlarına göre, öğrencilerin büyük çoğunluğu (%68,8) daha önceden bilgisayar konusunda herhangi bir eğitim almamışlardır ve bu konuda da cinsiyetler arasında anlamlı bir fark yoktur ($p=0,202$). Öğrencilerin temel sağlık bilgi sistemlerini ve onun kullandığı yazılımları, donanımları ve bilgisayarda biyoistatistik uygulamalarını yapabilme ve kullanabilme yönünde yeterli beceriyi kazandırılması gerektiği görüldü.

Sonuç: Bu araştırma sonuçlarının da gösterdiği gibi ülkemiz koşullarında tıp fakültesine giren öğrencilerin büyük çoğunluğu daha önceden bu konuda herhangi bir eğitim almadan tıp fakültesine başlamaktadır. Bu doğrultuda;

- Öğretim programında tıp bilişimi eğitimine ayrılan sürenin artırılması ve tüm öğrencilere sunulması,
- Öğrencilerin büyük çoğunluğunun üniversite dışında bilgisayar(%51,6) ve Internet erişimlerinin(%67,4) olduğunu belirtmelerine rağmen, daha önce Bilgisayar eğitimi almadıkları(%68,8) gözönünde bulundurularak, üniversite bünyesinde öğrencilere sağlanan olanakların artırılması,
- Tıp bilişimi eğitiminin hedeflerini öğrencilere kazandırılacak becerilerin yanı sıra pozitif tutum kazandırma yönünde hedeflerinin de dahil edilmesi, tıp bilişimi eğitiminin etkinliğini artıracaktır. Bu nedenle Biyoistatistik dersinin yer aldığı komitede Biyoistatistik dersi için Bilgisayar uygulamalı pratik yapıldığı, öğrenciler pratik dersinde bilgisayar kullanımında zorlandığı, 2021-2022 öğretim yılı öğrencilerinin Bilgisayar dersine ilişkin tutumları, bilgisayar kullanım ve bilgi düzeyi sonuçlarına bakıldığında Biyoistatistik dersi öncesi öğrencilerin Bilgisayar dersi almaları gerektiği önerildi.

Anahtar kelimeler: Biyoistatistik, Bilgisayar, Eğitim, Yazılım

SB14

Lojistik Regresyon Analizinde Çoklu Etkileşim Terimlerinin Araştırılması İçin Yeni Bir Öneri

Yaşar SERTDEMİR

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

Sağlık alanında yapılan araştırmalarda örneklem büyüklüğü genellikle birkaç yüz gözlemi geçmemesine rağmen değişken sayıları çok fazla olabilmektedir. Bu çalışmalarda amaç, hastalık ile ilgili risk faktörlerin belirlenmesi olduğunda lojistik regresyon (LR) analizi en sık kullanılan analiz yöntemidir. LR analizinde önce ana etkiler belirlenmekte ve sonra etkileşim terimleri araştırılmaktadır. Ancak yüzlerce açıklayıcı değişken olması durumunda ikili veya üçlü etkileşimlerin modele eklenmesi, aşırı uyum neden ile çok büyük parametre tahminleriyle sonuçlanabilmektedir. Önemli etkileşim terimlerinin modele alınmaması ise ana etkilerin parametre tahminlerinin gerçek değerlerinden farklı bulunmasına ve modelin performansının olabileceğinden daha düşük sonuçlanmasına neden olmaktadır. Yeteri sayıda gözlem olması durumunda bile tüm ikili veya üçlü etkileşim terimlerinin standart bir masa üstü bilgisayar ile araştırılması çok zaman alıcı, hatta bazı durumlarda imkansız olabilmektedir.

Amaç: Bu çalışmada amaç, açıklayıcı değişken sayısının yüksek olduğu lojistik regresyon analizinde çoklu etkileşim terimlerini test edebilecek yeni bir yöntem önermek ve bu yöntemi kullanılmakta olan yaklaşımlar ile karşılaştırmaktır.

Yöntem: Bu çalışmada önerilen rasgele değişken örnekleme (RDÖ) yöntemi ile, sadece ana etkilerin(LR1), ana ve ikili etkileşimlerinin (LR2) ve tek değişkenli analizde $p<0.05$ bulunan değişkenlerin ana ve ikili etkileşimlerinin bulunduğu (LR3) yöntemlerin parametre tahminleri ve bazı performans ölçütleri bir benzetim uygulamasıyla karşılaştırılmıştır. Simulasyon çalışmasında açıklayıcı değişken sayısı ($v=10,20,30$) ve örneklem büyüklüğünün ($n=50,\dots,1000$) etkileri incelenmiştir. Analizler 3000 kez tekrar edilmiştir.

Bulgular: yaklaşımların aşırı uyum sorunu yüzdesi, $v=10$ da RDÖ için %10, LR1=%1, LR2=%65 ve LR3=%15. Bu değerler; $v=20$ de sırasıyla %10, %20, %80 ve %23 ve $v=30$ için %20, %70, %90 ve %40 dır. RDÖ ile elde edilen parametre tahminleri $v=10$ için genel olarak benzer olsa da $n<200$ için LR2 ve LR3 den daha iyidir. Değişken sayısı 20 ve üzeri olduğunda parametre değerine yakın tahminleri RDÖ yöntemi $n=100-150$ de ulaşırken, LR2 veya LR3 $n=300-500$ de ancak ulaşabilmektedir. Oluşturulan modellerin sınıflama başarılarının test edildiği veri setlerinde eğri altında kalan alan (AUC) değerleri $n>200$ için tüm yöntemler için benzerken, $n<200$ için özellikle $v=20$ ve $v=30$ için RDÖ yöntemi daha iyi sonuçlar vermektedir.

Sonuç: Önerilen RDÖ yöntemi, etkileşim terimlerinin araştırıldığı çalışmalarda etkileşim terimlerini içeren lojistik regresyon yaklaşımlarından daha düşük aşırı uyum sorunu yaşadığı ve daha iyi parametre tahminleri yaptığı gözlenmiştir. Açıklayıcı değişken sayısının çok yüksek olduğu ($v>200$) veri setlerine RDÖ yöntemi ile ikili etkileşimler standart bir masa üstü bilgisayarda uygulanabilmektedir.

Anahtar kelimeler: Rasgele değişken örnekleme, Lojistik regresyon, aşırı uyum problem, parametre tahmini, büyük veri.

SB15

İkili Sonuç Değişkeni Varlığında Aracı Etki (Mediation) Modeli: Psikiyatride Bir Uygulama

İhsan BERK¹, Buket İPEK BERK², Berkalp TUNCA³, Pınar GÜNEL¹, Barış YILBAŞ⁴

¹ SANKO Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Gaziantep.

² SANKO Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Gaziantep.

³ Osmangazi Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İstatistik Bölümü, Eskişehir.

⁴ Lokman Hekim Ankara Hastanesi, Psikiyatri, Ankara.

Amaç: Bu çalışmada, ikili sonuç değişkeni varlığında aracı etki (mediation) modelinin bir psikiyatri verisi üzerinde uygulamasının gösterilmesi amaçlanmıştır.

Yöntem: Çalışmada; yeme bağımlılığı ile kronotip, uyku durumu, dikkat eksikliği hiperaktivite bozukluğu ve dürtüsellik arasındaki ilişkileri araştırmak amacıyla Kasım 2021 ve Ocak 2022 tarihleri arasında SANKO Üniversitesi Tıp Fakültesi ve Sağlık Bilimleri Fakültesi öğrencileri üzerinde yürütülen araştırma verileri kullanılmıştır. Araştırma 328 öğrencinin; Sabahçıl-Akşamcıl Anketi (MEQ) ile değerlendirilen kronotip, Pittsburgh Uyku Kalite İndeksi (PUKİ) ile değerlendirilen uyku kalitesi, Erişkin Dikkat Eksikliği Hiperaktivite Bozukluğu Kendi Bildirim Ölçeği (ASRS) ile değerlendirilen dikkat eksikliği hiperaktivite bozukluğu, Barratt Dürtüsellik Ölçeği Kısa Formu (BIS-11-KF) ile değerlendirilen dürtüsellik ve Yale Yeme Bağımlılığı Ölçeği ile değerlendirilen yeme bağımlılığı durumu verilerini içermektedir. Kronotipin yeme bağımlılığı üzerinde doğrudan etkilerini ve uyku durumu, dikkat eksikliği hiperaktivite bozukluğu ve dürtüsellik üzerinden dolaylı etkilerini değerlendirmek için SPSS PROCESS v4.1 makrosunda Model 6 kullanılarak seri aracı etki (mediation) modeli kullanılmıştır.

Bulgular: Aracı etki modeli sonucuna göre kronotip ölçeği puanı arttıkça uyku kalitesi, dikkat eksikliği hiperaktivite bozukluğu ve dürtüsellik puanlarının azaldığı (sırasıyla $\beta=-0.214\pm0.017$, $p<0.001$; $\beta=-0.251\pm0.041$, $p<0.001$ ve $\beta=-0.381\pm0.068$, $p<0.001$); uyku kalitesi puanı arttıkça dikkat eksikliği hiperaktivite bozukluğu ve dürtüsellik puanlarının arttığı (sırasıyla $\beta=0.983\pm0.184$, $p<0.001$ ve $\beta=0.617\pm0.112$, $p<0.001$); dikkat eksikliği hiperaktivite bozukluğu puanı arttıkça dürtüsellik puanının arttığı ($\beta=0.261\pm0.032$, $p<0.001$) sonucuna ulaşılmıştır. Önemli bir nokta olarak kronotip puanının yeme bağımlılığı üzerine doğrudan etkisi ($\beta=-0.0098\pm0.028$, $p=0.724$) anlamlı olmadığı halde dikkat eksikliği hiperaktivite bozukluğu ve uyku kalitesi ile birlikte dikkat eksikliği hiperaktivite bozukluğu puanları üzerinden dolaylı etkisi (sırasıyla $\beta=-0.0277$ (%95 GA:-0.0526, -0.0113) ve $\beta=-0.0153$ (%95 GA:-0.0285, -0.0063)) anlamlı bulunmuştur.

Sonuç: Bu araştırma sonucunda aracı etki modelinin varsayımlarından olan bağımlı ve bağımsız değişken arasında ilişkinin bulunması varsayımı sağlandığı halde bağımsız değişkenin katsayısının oldukça düşük olduğu dolayısıyla bağımlı değişken üzerinde tek başına etkisinin olmadığı görülmüştür. Ancak aracı etkiler modele dahil edildiğinde doğrudan etkinin anlamlı olmadığı, dolaylı etkilerden bazılarının anlamlı olduğu sonucuna ulaşılmıştır.

Anahtar Kelimeler: aracı etki modeli, ikili sonuç değişkeni, doğrudan etki, dolaylı etkiler.

SB16

COVID-19 Pandemisinin Hasta Profiline Etkisinin SOM Algoritması ile Değerlendirilmesi

Meryem Göral YILDIZLI¹, Betül Dağoğlu HARK²

¹ Çukurova Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı, Adana.

² Fırat Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı, Elazığ.

Amaç: Dünya çapında 200 milyondan fazla insanın enfekte olduğu ve SARS-CoV-2 olarak adlandırılan yeni bir korona virüsün neden olduğu COVID-19 salgınının ilerlemesiyle birlikte uzun vadeli etkilerine ilişkin araştırmalar giderek artmaktadır. Çalışmalar yalnızca ölümcül patojene karşı etkili tedaviler bulmak için değil, aynı zamanda eşlik eden komplikasyonlarla mücadele etmek için de yürütülmüştür. Akciğer hastalıkları, psikolojik bozukluklar ve nörolojik komplikasyonlar COVID-19 sonrası görülen en önemli rahatsızlıklar arasındadır. Bu çalışmanın amacı, COVID öncesi (2018-2019), COVID dönemi (2020-2021) ve COVID (2022-2023 Ağustos) sonrası dönemlerinde hastaların demografik ve hastalık verilerindeki değişimi incelemektir. Bu amaç için veri madenciliği yapay sinir ağları kapsamında veri görselleştirme özelliği olan Kendini düzenleyen haritalar (Self-Organizing Maps, SOM) algoritması kullanılmış ve grup içinde oluşan örüntüler ve gruplar arası farklılıklar belirlenerek COVID-19 salgının etkileri araştırılmıştır.

Yöntem: Çukurova Üniversitesi Balcalı Hastanesi Hastane Bilgi Yönetim Sisteminden (HBYS) 2018-2023 Ağustos yıllarında erişkin yatan hastaların demografik özelliklerini (yaş ve cinsiyet), ICD 10 tanı ve ATC ilaç bilgilerini içeren 220.236 kayıt alınmıştır. R yazılım dili kullanılarak 20x20'lik boyut azalma ile SOM haritası oluşturulmuş ve kümelemelerin etkisi ortaya konmuştur. Kümeleme sonuçları pandemi öncesi, pandemi dönemi ve pandemi sonrası dönemleri ile karşılaştırılarak sınıflandırma hataları elde edilmiştir.

Bulgular ve Sonuç: Yapılan SOM haritalaması ile üç döneme ait demografik özellikleri, tanı ve ilaç kodlarının değişimi farklılık göstermektedir. Böylece kümeleme sonuçları üç dönem ile %99.5 uyumlu çıkmış ve kümeleme hataları düşük bulunmuştur.

Anahtar Kelimeler: Kendini düzenleyen haritalar, SOM, COVID, Kümeleme

SB17

Görüntü İşleme Yöntemleriyle Elde Edilen Radyomik Verilerin İskemik İnme Tespitindeki Rolü: Bir Makine Öğrenmesi Yaklaşımı

Eylem Gül ATEŞ^{1,3}, Gökçen Çoban ÇİFÇİ², Jale KARAKAYA³

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

² Hacettepe Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Radyoloji Anabilim Dalı, Ankara.

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

Amaç: İnme, yıllık yaklaşık 15 milyon insanı etkileyen, dünya çapında mortalite ve morbiditenin önde gelen nedenlerinden biri olmaya devam eden önemli bir halk sağlığı sorunudur. Bu yüzden sakatlık ve ölümün önüne geçmek için inmede erken tanı çok önemlidir. İnmede yapay zekâ araştırmaları gün geçtikçe arttığından tanı sürecinde radyolojik görüntülerle inme tespiti için yapay zekâ modellerinin karşılaştırılması önemlidir. Bu çalışma, beyin Manyetik Rezonans (MR) görüntülerini kullanarak iskemik inme tespitinde makine öğrenmesi yöntemlerinin sınıflama performansını karşılaştırmayı amaçlamıştır.

Yöntem: Retrospektif olarak planlanan bu çalışmada, 01.03.2020-10.09.2021 tarihleri arasında Hacettepe Üniversitesi Hastanesi Radyoloji Anabilim Dalına başvuran, 18-90 yaş arasındaki Serebrovasküler Olay ön tanısıyla beyin MR çekimi yapılmış hastaların kayıtları incelenmiştir. Dahil olma kriterini sağlayan 119 hastanın MR görüntüleri anonimleştirilerek DICOM formatında kaydedilmiştir. Görüntülerin işlenmesinde Boyut eşitleme, Eğim Düzeltme, Kafatası sıyırma, Gürültü azaltma ve Homojensizlik düzeltmesi yöntemleri kullanılmıştır. İşlenen görüntülerden elde edilen radyomikler tek değişkenli yöntemler, LASSO ve RFE algoritmaları kullanılarak seçilmiştir. Seçilen radyomikler makine öğrenmesi algoritmalarına girdi olarak verilip iskemik inme tespiti yapılmıştır. Öznitelik seçim yöntemlerine göre sınıflandırma algoritmalarının performansları, Doğruluk, Duyarlılık, Seçicilik, F1 skor ve AUC gibi ölçütler kullanılarak karşılaştırılmıştır.

Bulgular: Çalışmada kullanılan verinin inme ve kontrol gruplarındaki dağılımı dengeli olmadığından aşağı örnekleme (Downsampling) yapılmıştır. Görüntü işleme yöntemiyle elde edilen radyomikler Lojistik Regresyon, kNN, Random Forest (RF), Extreme Gradient Boosting (XGBoost), Artificial Neural Network (ANN), Support Vector Machine (SVM) yöntemleriyle sınıflandırılmıştır. Python programı aracılığıyla yapılan bu çalışmada, en yüksek sınıflama performansı sırasıyla Tek değişkenli, LASSO ve RFE Öznitelik seçim yöntemlerine göre elde edilmiştir. En yüksek performansa; Tek değişkenli seçim yöntemiyle SVM (%87.3 AUC), LASSO ile SVM (%85.4 AUC) ve RFE yöntemiyle XGBoost (%85.2 AUC) algoritmaları ulaşmıştır. Her üç seçim yönteminde de en düşük performans Lojistik Regresyon yöntemiyle (sırasıyla %82.8, %77.5, %78.3 AUC) elde edilmiştir.

Sonuç: İnme, global bir sağlık tehdidi olarak ön plana çıkmakta ve inmede erken tanının kritik bir öneme sahip olduğu bilinmektedir. Bu çalışmada, beyin MR görüntülerinden iskemik inme tespiti için kullanılan makine öğrenmesi yöntemleri derinlemesine incelenmiştir. Yapılan analizler SVM ve XGBoost algoritmalarının bu alanda üstün performans sergilediğini göstermektedir. Bu sonuçlar, inmenin erken tanısında ve tedavi stratejilerinin geliştirilmesinde yapay zekanın etkin bir şekilde kullanılması için yol gösterici olabilir. Ayrıca, MR görüntülerinde radyomik özniteliklerin seçimi ve bu özniteliklerin sınıflandırılmasında kullanılan yöntemler, ilerleyen çalışmalarda optimize edilerek inme tanısında daha yüksek doğruluk oranları elde edilmesine olanak sağlayabilir.

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

Anahtar kelimeler: Nörogörüntüleme, İskemik inme, Radyomik, Makine Öğrenmesi

SB18

Evrişimsel sinir ağlarına dayalı iki sınıflı kontrastlı spektral mamografi görüntülerinin sınıflandırması

Hanife AVCI¹, Gamze DURHAN², Figen DEMİRKAZIK², Meltem Gülsün AKPINAR², Hüseyin BÜLÜÇ², Jale KARAKAYA¹

¹ Hacettepe Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara.

² Hacettepe Üniversitesi Tıp Fakültesi, Radyoloji Anabilim Dalı, Ankara.

Amaç: Meme kanseri kadınlar arasında en sık görülen kanser türüdür. Dijital mamografi (DM) taraması, meme kanserinin erken teşhis oranının belirlenmesine yardımcı olan bir görüntüleme yöntemidir. Özellikle yoğun meme dokusunda lezyonlarla meme dokusu arasındaki kontrastın azalması nedeniyle dijital mamografinin sınıflandırma performansı düşebilir. Bu nedenle yüksek riskli bireylerde ultrason (US) veya manyetik rezonans görüntüleme (MRI) gibi ek görüntüleme yöntemlerine ihtiyaç duyulmaktadır. Daha yeni bir yöntem olan Kontrastlı Spektral Mamografi (CESM) de meme MR'a benzer duyarlılığı ve seçiciliği nedeniyle giderek daha fazla kullanılmaktadır. CESM, belirsiz lezyonların lokalizasyonu ve karakterizasyonu için DM ve US incelemelerine ek olarak kullanılan kontrast bazlı bir dijital mamografidir. Bu çalışmada, derin öğrenmeyi kullanarak, duyarlılık, seçicilik, Matthews korelasyon katsayısı (MCC) ve eğri altında kalan alan (AUC) ölçümleriyle CESM'nin meme kanseri tespitinde tek başına iyi performans gösterip göstermediği değerlendirildi.

Yöntem: Bu retrospektif çalışma Hacettepe Üniversitesi Girişimsel Olmayan Klinik Araştırmalar Etiği onayı (Onay tarihi: 29.11.2022) ile yapılmıştır. Hacettepe Üniversitesi Radyoloji Bölümü'nde 01 Ocak 2012 ile 01 Kasım 2022 tarihleri arasında çekilen kontrastlı mamografi görüntüleri kullanıldı. Görüntü işleme adımları (ön işleme, segmentasyon, sınıflandırma) ve sınıflandırma performansının değerlendirilmesi için Spyder ortamı (Keras ve Tensorflow ile birlikte) kullanıldı. Görüntü ön işleme teknikleri (medyan filtre, kontrast sınırlı uyarlamalı histogram eşitleme vb.) kullanılarak görüntülerden gürültü giderildi. Daha sonra segmentasyon sonrası elde edilen ilgi bölgeleri (ROI), doğrusal filtreler ve aktivasyon fonksiyonları ile Evrişimsel sinir ağları (CNN) tarafından belirlendi. Özellik matrisi, gri seviye eş oluşum matrisi (GLCM) yardımıyla ROI'lerden elde edildi. Havuzlama katmanının yardımıyla, özellik matrisinin boyutları azaltılmıştır. Daha sonra tam bağlantılı ve havuz katmanından elde edilen bilgiler normal/anormal (iyi huylu ve kötü huylu) etiketine göre sınıflandırıldı.

Bulgular: Başlangıçta anormal ve normal kontrastlı spektral mamografi görüntüsünün CNN modelindeki performansı incelendi. Kontrastlı spektral mamografinin doğruluğu %86,08, duyarlılığı %83,18 ve seçiciliği %75,76 idi.

Sonuç: Elde edilen sonuçlara göre, CNN modelinin sınıflama performansları üzerine bir etkisi olduğu söylenebilir. İlerleyen zamanda farklı CNN algoritmaları, daha fazla mamografi görüntüsü üzerinde yüksek performans gösterebilir. Sonuç olarak, meme kanseri tanısı koymada görüntü işlemenin de yol gösterici bir etkisi olabilir. 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, CNN, AUC.

SB19

Açıklanabilir Artırma Makinesi ve Dengesiz Dağılıma Sahip İki Kategorili Sınıflandırma Problemlerinde Uygulaması

Ahmet Kadir ARSLAN

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

Giriş ve amaç: Açıklanabilir Artırma Makinesi (AAM), otomatik etkileşim tespitine sahip, ağaç tabanlı, döngüsel gradyan artırıcı özelliğine sahip bir genelleştirilmiş eklemeli modeldir (GEM). Standart bir GEM matematiksel olarak,

$$g(E[y]) = \beta_0 + \sum f_j(x_j) \quad (1)$$

olarak ifade edilmektedir. AAM, geleneksel GEM'lerden farklı olarak, (1) nolu eşitlikte olarak ifade edilen değişken fonksiyonlarını modern makine öğrenmesi tekniklerinden torbalama (bagging) ve gradyan artırma (boosting) kullanarak öğrenir. Ayrıca AAM, çoklu bağlantı probleminin etkilerini azaltmak, en iyi değişken fonksiyonunu öğrenmek ve her bir değişkenin modelin öğrenme performansına katkısını ölçmesi amacıyla Round-Robin döngüsel algoritmasını kullanır. Son olarak AAM, ikili etkileşim terimlerini otomatik olarak tespit eder ve modele ekler:

$$g(E[y]) = \beta_0 + \sum f_i(x_i) + \sum f_{ij}(x_i, x_j) \quad (2)$$

Bu çalışmada AAM'nin iki kategorili dengesiz sınıflandırma problemi (DSP) varlığında sınıflandırma performansının gözlemlenmesi amaçlanmıştır.

Gereç ve yöntem: Giriş bölümünde belirtilen amaç doğrultusunda, 20 adet DSP içeren veri seti, KEEL veri seti deposundan (<https://sci2s.ugr.es/keel/datasets.php>) seçilerek kullanılmıştır. Kullanılan veri setlerindeki bağımsız değişkenler sürekli sayısal ölçme düzeyinde olup, değişken sayıları 5-19 arasında değişmekteydi. Ayrıca AAM'nin ilgili veri setleri üzerindeki sınıflandırma performansını kıyaslanabilmesi için torbalama yöntemlerinde Rasgele Orman (RO) yöntemi de kullanılmıştır. DSP'nin üstesinden gelebilmek amacıyla kullanılan alt ve üst örnekleme yöntemleri bu çalışmada kullanılmamış olup, ilgili modellerin DSP'li veriler üzerindeki gerçek sınıflandırma performanslarının gözlemlenmesi hedeflenmiştir. Analizler Spyder (versiyon 5.4.5) bütünleşik geliştirme ortamına entegre edilmiş Python 3.11 yazılımı ile scikit-learn ve interpret kütüphaneleri kullanılarak yürütülmüştür. İlgili modellerin eğitim ve test süreçleri için veri setleri 80-20 oranında bölünerek basit geçерleme yöntemi kullanılmıştır. En iyi model hiperparametrelerini belirleyebilmek için eğitim veri seti üzerinde 5-katlı çapraz geçerlilik ve rasgele tarama yöntemleri birlikte uygulanmıştır. Tespit edilen en iyi hiperparametreler ile modellerin yeniden eğitilmesi gerçekleştirilmiş ve eğitilen modeller test veri setleri üzerinde uygulanmıştır. Model performans ölçütleri olarak, genel doğruluk oranı, dengelenmiş doğruluk oranı, duyarlılık, seçicilik ve Matthews korelasyon katsayısı kullanılmıştır.

Bulgular ve sonuç: Tüm bulgular ele alındığında, DSP varlığına rağmen her iki modelin de makul sınıflandırma performansı gösterdiği, fakat AAM'nin tüm veri setleri ve performans metriklerinde RO modelinden daha iyi sınıflandırma performansı gösterdiği görülmüştür. Böylece geliştiricileri tarafından RO modelinden daha iyi tahmin performansına ve öğrenme hızına sahip olduğu belirtilen AAM'nin bu durumu DSP'li veri setleri üzerinde de doğruladığı görülmüştür.

Anahtar kelimeler: Açıklanabilir artırma makinesi, genelleştirilmiş eklemeli modeller, açıklanabilir makine öğrenmesi.

SB20

Uzunlamasına ve Sağkalım Verilerinin Birlikte Modellenmesinde Model Performansının Bilgi İçeriği Yaklaşımı ile Değerlendirilmesi

Merve Başol GÖKSÜLÜK¹, Dinçer GÖKSÜLÜK¹, A. Ergun KARAAĞAOĞLU²

¹ Erciyes Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Kayseri.

² Lokman Hekim Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Ankara.

Amaç: Periton diyaliz (PD) tedavisi, geç dönem böbrek yetmezliği olan hastalarda sıklıkla tercih edilmektedir. PD tedavisinde hastalığın prognozu ve uzun dönem sağkalım durumları çeşitli biyobelirteçler (serum albumin, kreatininin, vb.) ve biyokimyasal parametreler (peritonit hızı, gromelürel filtrasyon hızı, vb.) yardımı ile tahmin edilebilmektedir. Güncel literatür incelendiğinde hastalardan izlem süresince tekrarlı olarak alınan ölçümlerin sağkalım ile olan ilişkisini modellemede birleşik model yaklaşımının daha sık kullanılmaya başlandığı görülmüştür. Bu çalışmada, sağkalım ve uzunlamasına verilerin birlikte modellendiği birleşik model yaklaşımında model performansı mevcut tekniklerden farklı olarak bilgi kuramı yaklaşımı ile değerlendirilmiştir. Önerilen yaklaşım ile en iyi performansa sahip olan modelin seçilebilmesi ve sağkalım durumlarını kestirmede en fazla bilginin elde edildiği tekrarlı ölçüm noktasının belirlenmesi amaçlanmıştır.

Yöntem: Bu çalışmada, Erciyes Üniversitesi Nefroloji bölümünde 1995 ile 2007 yılları arasında periton diyaliz (PD) tedavisine başlayan 511 hastanın retrospektif verileri incelenmiştir. Sağkalım verileri ve uzunlamasına veriler birleşik model yaklaşımı ile modellenmiştir. Uzunlamasına veriler için karma etkili doğrusal modeller (linear mixed effects), sağkalım verileri için ise Cox regresyon modelinden yararlanılmıştır. Elde edilen modellerin performansı zamana bağlı ROC eğrisi altında kalan alan (td-AUC), Brier skoru (BS) ve ağırlıklandırılmış bilgi içeriği (weighted mutual information, WMI) yaklaşımları ile değerlendirilmiştir. Ayrıca, sonuçların daha geniş senaryolara genellenebilmesi için kapsamlı bir benzetim çalışması yürütülmüştür.

Bulgular: Gerçek veri uygulaması sonuçlarına göre bilgi içeriği yaklaşımının uygun modelin seçiminde etkin bir şekilde kullanılabileceği görülmüştür. WMI ve td-AUC yöntemleri BS yönteminin aksine model seçiminde oldukça benzer sonuçlar vermiştir. Hastalardan alınan son ölçüm noktasından sonraki dönemlerde sağkalım tahminleri incelendiğinde son izlem noktasına yakın zamanlarda sağkalım tahminlerine en fazla katkının çalışmanın başlarında alınan ölçümlerden sağlandığı görülmüştür. Tahmin yapılacak zaman noktası son ölçüm zamanından uzaklaştıkça çalışmanın sonlarına doğru alınan ölçümlerin daha fazla katkı sağlamaya başladığı görülmüştür. Benzetim çalışması sonuçlarına göre örneklem hacmi ve alınan tekrar sayılarının model performanslarına doğrudan etki ettiği görülmüştür. Örneklem hacminin artması alınan tekrar sayısından bağımsız bir şekilde model performanslarını olumlu yönde etkilemiştir. Ancak, küçük örneklem genişliklerinde örneklem hacmi yerine tekrar sayısının artırılması modelin karmaşıklığını arttırmış, model performanslarında olumlu bir etki yaratamamıştır.

Sonuç: Bu çalışmada önerilen WMI yaklaşımının uygun modelin seçiminde ve sağkalım tahminlerine en fazla katkı sağlayan zaman noktalarının belirlenmesinde kullanılabileceği görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Sağkalım, birleşik model, kişiselleştirilmiş tıp, uzunlamasına veri, bilgi içeriği

SB21

Sağlık Bilimlerinde Yinelemeli Modeller Ve Karar Ağacı ile Bir Uygulama

Murat Doğuş GÜNEL¹, Sıddık KESKİN², Serdal Kenan KÖSE³

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

²Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Van.

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

Amaç: Bu çalışma, sağlık verilerinin analizinde yinelemeli modellerin irdelenmesi ve yinelemeli modellere bir örnek olarak karar ağaçları ile koroner kalp hastalığının tahmin edilmesini amaçlamaktadır.

Yöntem: Çalışma kapsamında, 3658 hasta verisi kullanılmıştır. Veri seti; cinsiyet, yaş, eğitim durumu, sigara kullanımı, günlük içilen sigara sayısı, tansiyon ilacı kullanımı, inme geçirme durumu, hipertansiyon tedavisi geçirip geçirmediği, diyabet olup olmadığı, toplam kolesterol düzeyi (mg/dL), sistolik kan basıncı (mmHg), diyastolik kan basıncı (mmHg), vücut kütle indeksi, nabız, şeker seviyesi (mg/dL) ve 10 yıllık koroner kalp hastalığı durumu özelliklerini (değişkenlerini) içermektedir. Eğitim veri seti üzerinde, kalp hastalığı tahmini yapabilmek için bir Karar Ağacı modeli kullanılmıştır. Veri setinde eksik veriler silindikten sonra, kalan 3658 hastanın verileri ile işlem yapılmıştır. Karar Ağacı modelinde, veri seti eğitim (%65) ve test (%35) olmak üzere rastgele ikiye ayrılmıştır. Sınıf dengesizliğini gidermek üzere, rastgele örnekleme ile sayısı az olan sınıf artırılırken, sayısı yüksek olan sınıf azaltılmıştır. Model, eğitim veri seti ile eğitilmiş ve test veri seti ile değerlendirilmiştir. Model performansını değerlendirmek üzere; kesinlik, duyarlılık, F1-skoru, MCC ve doğruluk oranı dikkate alınmıştır. Kesme kriteri olarak Gini impurity kullanılmış olup, veri kümesinin bölme kararlarının ne kadar saflık sağladığı bu kriter ile ölçülmüştür. Modeli oluşturmak ve analizi yapmak için Python programlama dili kullanılmıştır.

Bulgular: Karar ağacı modelinde; yaş, sistolik kan basıncı, şeker seviyesi ve toplam kolesterol düzeyinin, önemli özellikler olduğu gözlenmiştir. Diğer özellikler de modelin karar mekanizmasında yer almış ancak bu özellikler göreceli olarak daha az belirleyici olmuştur. Sınıf 0 için model bir örneği sınıf 0 olarak etiketlediğinde, bu etiketlemenin %97 doğru olduğu görülmüştür. Sınıf 1 için model bir örneği sınıf 1 olarak etiketlediğinde, bu etiketlemenin %85 doğru olduğu gözlenmiştir. Sınıf 0 için, gerçekte sınıf 0 olan örneklerin %84'ü doğru bir şekilde sınıf 0 olarak sınıflanmıştır. Sınıf 1 için, gerçekte sınıf 1 olan örneklerin %98'i doğru bir şekilde sınıf 1 olarak sınıflanmıştır. F1-skoru, sınıf 0 için 0.90, sınıf 1 için 0.91 olarak bulunmuştur. Böylece modelin, genel olarak dengeli bir performans gösterdiği gözlenmiştir. Model, test veri setindeki örneklerin %91'ini doğru bir şekilde sınıflandırmıştır. MCC değeri "MCC = 0.82" olarak hesaplanmış ve modelin sınıflandırmada oldukça iyi bir performans gösterdiği gözlenmiştir.

Sonuçlar: Bu çalışmada, koroner kalp hastalığı tahmini yapma amacıyla bir Karar Ağacı modeli eğitilmiştir. Model, test veri seti üzerinde %91 doğruluk oranı ve %82'lik bir MCC ile tahminde bulunmuştur. Bu durumun, modelin rastgele tahmin yapmasından daha iyi bir sonuç olduğu düşünülmektedir. Ancak klinik uygulamalar için ideal bir değer olup olmadığı tartışılabilir niteliktedir. Koroner kalp hastalığı tahmini yaparken daha karmaşık modellerin veya daha fazla özellik içeren veri setlerinin kullanılmasının, model performansını artırabileceği düşünülmektedir. Gelecekteki çalışmalarda, bu yönde atılacak adımların, kalp hastalığı tahmininde daha başarılı sonuçlar elde edilebilmesi bakımından katkı sağlayabileceği düşünülmektedir.

Anahtar sözcükler: Recursive, Özyinelemeli, Yinelemeli, Karar Ağaçları

SÖZLÜ BİLDİRİLER (TAM METİN)

SB22

Alternatif Uç Birleştirme Bölgelerinin Makine Öğrenimi ve Derin Öğrenme Yöntemleri ile Tahmin Edilmesi

R. Onur ÖZTORNACI

Koç Üniversitesi Translasyonel Araştırma Merkezi, Koç Üniversitesi, İstanbul.

Adres: Koç Üniversitesi Translasyonel Araştırma Merkezi, Koç Üniversitesi, İstanbul.

Email: onur.oztornaci@gmail.com

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9847-4030>

Amaç: Alternatif uç birleştirme, genlerin RNA işlenmesi sırasında farklı kombinasyonlarda birleştirilmesi sürecidir. Bu süreç, bir genin kodladığı proteinin farklı formlarının oluşturulmasını sağlar. Alternatif uç birleştirmenin temel amacı, hücrelerin farklı işlevlere sahip olabildiğini sağlamaktır. Makine öğrenimi (ML) ve derin öğrenme (DL), alternatif uç birleştirmenin tespitinde büyük bir avantaj sağlar. Bu çalışmanın amacı, alternatif uç birleştirme bölgelerinin tespiti için hangi modelin daha yüksek doğrulukla sonuç verdiğini tespit etmektir.

Yöntem: Simülasyonlar Python programlama dili ile gerçekleştirilmiş olup örnek büyüklükleri 25, 50, 100, 150 ve 200 olarak belirlenmiştir. Genetik veri setlerinde A, C, G ve T nükleotitlerinin frekansları eşit olarak dağıtılmıştır. Ayrıca, uç birleştirme bölgeleri GTAGC, GTAGT, GTAGA veya GTCGA olarak belirlenmiş ve simülasyon 10.000 kez tekrarlanmıştır. Tüm veri setlerinde, Destek Vektör Makineleri (SVM), Rastgele Orman (RF), Long Short-Term Memory (LSTM) ve Deep Neural Network (DNN) yöntemleri için aşırı öğrenme (overfitting) problemi önlenmesi amacıyla %67,5 eğitim veri seti, %10 test veri seti ve %22,5 doğrulama seti olarak belirlenmiş ve modellerin tahmin gücü test edilmiştir. Grafikler için R Programlama dili kullanılmıştır. İşlemler Unix işletim sistemi üzerinde, 2x AMD EPYC 7742 64-Core Processor, 2x64 çekirdekli (128 çekirdekli), 512GB RAM, 8x Tesla_A100 Koç Üniversitesi Yüksek Performanslı Bilgi İşlem Kümesi kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Bulgular: Örneklem büyüklüğü arttıkça modellerin performansının da arttığı gözlemlenmiştir. Özellikle DNN ve LSTM modellerinin performansı, örneklem büyüklüğünün artmasıyla birlikte istikrarlı bir şekilde yükselmektedir. LSTM modeli, genellikle diğer modellere göre daha yüksek F1-Score, Specificity ve Recall değerlerine sahiptir. Bu, bu modelin dengeli bir performans gösterdiği söylenebilir. RF modeli, genellikle yüksek örneklem büyüklüklerinde etkili bir şekilde çalışmaktadır. Özellikle 150 ve 200 örneklem büyüklüklerinde, bu modelin diğerlerine göre daha iyi performans gösterdiği gözlemlenmektedir. SVM modeli için, Recall ve Specificity değerlerinde örnek genişliğinin artmasıyla birlikte belirgin bir iyileşme gözlemlenmiştir.

Sonuç: Geleneksel yöntemler, büyük miktarda veriyi işlemekte zorlanabilir. Ancak makine öğrenimi algoritmaları, bu tür verileri hızla analiz edebilir ve alternatif uç birleştirmeleri tanımlayabilir. Bu çalışma, alternatif uç birleştirmelerin belirlenmesi sürecinde, makine öğrenimi ve derin öğrenme modellerinin etkili bir şekilde kullanılabileceğini ortaya koymaktadır. Özellikle karmaşık veri yapıları içeren alternatif uç birleştirmelerini tespit etmek amacıyla derin öğrenmenin etkili olabileceğini önerilmektedir.

Anahtar Kelimeler: Alternatif Uç Birleştirme, Derin Öğrenme, Makine Öğrenimi.

Predicting Alternative Splice Sites Using Machine Learning and Deep Learning Methods

Aim: Alternative splicing is the process of combining genes in different combinations during RNA processing. This process enables the creation of different forms of proteins encoded by a gene. The primary purpose of alternative splicing is to allow cells to have different functions. Machine Learning (ML) and Deep Learning (DL) provide significant advantages in the detection of alternative splicing. The aim of this study is to determine which model provides higher accuracy for detecting alternative splicing sites.

Method: Simulations were conducted using the Python programming language with sample sizes set at 25, 50, 100, 150 and 200. The frequencies of the A, C, G, and T nucleotides were evenly distributed in the genetic datasets. Additionally, splice sites were defined as GTAGC, GTAGT, GTAGA, or GTCGA, and the simulation was repeated 10,000 times. In all datasets, to prevent overfitting, 67.5% was designated as the training set, 10% as the test set, and 22.5% as the validation set for Support Vector Machines (SVM), Random Forest (RF), Long Short-Term Memory (LSTM), and Deep Neural Network (DNN) methods. The models' predictive power was then tested. R programming language was used for creating the graphs. The operations were performed on a Unix operating system using a system with 2x AMD EPYC 7742 64-Core Processor, 2x64 core (128 core) CPUs, 512GB RAM, and 8x Tesla_A100 from the Koç University High-Performance Computing Cluster.

Results: It was observed that as the sample size increased, the performance of the models also improved. Specifically, the performance of DNN and LSTM models consistently increased with the increase in sample size. The LSTM model generally had higher F1-Score, Specificity, and Recall values compared to other models, indicating balanced performance. The RF model was particularly effective in handling large sample sizes. Especially at 150 and 200 sample sizes, it was observed to outperform the others. For the SVM model, a noticeable improvement in Recall and Specificity values was observed with the increase in sample width.

Conclusion: Traditional methods may struggle to process large amounts of data, whereas machine learning algorithms can quickly analyze such data and identify alternative splicing events. This study demonstrates that machine learning and deep learning models can be effectively used in the process of detecting alternative splicing events. It is suggested that deep learning may be particularly effective in detecting alternative splicing events involving complex data structures.

Keywords: Alternative Splicing, Deep Learning, Machine Learning.

GİRİŞ

Günümüzde biyolojik araştırmalar, genlerin işlevlerini anlamak ve hücrelerin farklı işlevlere sahip olabildiğini anlamak için önemli bir alan olarak öne çıkmaktadır. Bu bağlamda, alternatif uç birleştirme süreci, genlerin RNA işlenmesi sırasında farklı kombinasyonlarda birleştirilmesini sağlayarak bir genin kodladığı proteinin farklı formlarının oluşturulmasını mümkün kılar. Bu mekanizma, hücrelerin çeşitli koşullara ve işlevlere uyum sağlamasında temel bir rol oynar^{1,2}. Alternatif uç birleştirmenin doğru bir şekilde tanımlanması, hücresel işlevlerin ve organizmalardaki biyolojik süreçlerin anlaşılması için kritik öneme sahiptir. Son yıllarda, makine öğrenimi (ML) ve derin öğrenme (DL) gibi veri analizi yöntemleri, biyomedikal araştırmalarda büyük bir ivme kazanmıştır³. Bu yöntemler, büyük veri setlerini hızla analiz edebilme yetenekleriyle, alternatif uç birleştirmenin tespitinde önemli bir avantaj sağlamaktadır⁴. Bu çalışmanın temel amacı, alternatif uç birleştirme bölgelerinin tespiti için farklı makine öğrenimi ve derin öğrenme modellerinin performansını karşılaştırmaktır. Bu amaçla, farklı örnek büyüklüklerinde ve genetik veri setlerinde çeşitli algoritmalar kullanılarak yapılan simülasyonlarla bu modellerin performansı değerlendirilecektir. Bu çalışmanın sonuçları, alternatif uç birleştirmenin tespiti alanında

hangi modelin daha yüksek doğrulukla sonuç verdiğini belirlememiz açısından önemli bir adım olacaktır. Ayrıca, bu çalışma, biyomedikal araştırmalarda makine öğrenimi ve derin öğrenme yöntemlerinin etkili bir şekilde kullanılabileceğini göstererek, bu alandaki gelecekteki çalışmalara da ışık tutacaktır.

GEREÇ ve YÖNTEM

Bu çalışmada kullanılan genetik veri setleri, simülasyon ile elde edilmiştir. Yapılan simülasyonlarda üretilen veriler gen dizileri, FASTA formatına uygun olarak tasarlandı. Veri setlerindeki A, C, G ve T nükleotitlerinin frekansları eşit olarak dağıtılmıştır. Alternatif uç birleştirme bölgeleri, GTAGC, GTAGT, GTAGA veya GTCGA olarak belirlendi. Bu bölgeler, literatürde belirtilen standart tanımlara uygun olarak seçildi. Simülasyonlar, Python programlama dili kullanılarak gerçekleştirildi ve grafikler için R programlama dilinin ggplot2 paketi kullanıldı⁵. Örnek büyüklükleri [25, 50, 100, 150, 200] olarak belirlendi. Her örnek büyüklüğü için, veri seti rastgele bölündü ve %67,5'i eğitim seti, %10'u test seti ve %22,5'i doğrulama seti olarak ayrıldı ve simülasyon 10.000 kez tekrarlanmıştır. İşlemler Unix işletim sistemi üzerinde, 2x AMD EPYC 7742 64-Core Processor, 2x64 çekirdekli (128 çekirdekli), 512GB RAM, 8x Tesla_A100 Koç Üniversitesi Yüksek Performanslı Bilgi İşlem Kümesi kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Makine Öğrenimi Modelleri

Destek Vektör Makineleri

Vladimir Vapnik ilk olarak 1992 sınıflama problemleri için Lagrange çarpanlarını kullanarak sınıfları arası maksimum ayırma yeteneğine sahip minimum hata ile sınıflar arasına hayali bir çizgi çekmeyi hedefleyen algoritma geliştirmiştir. Eğitim süresi olarak diğer algoritmalarla kıyaslayınca uzun sürmesine rağmen, destek vektör makineleri aşırı uyum problemine karşı dirençlidir. Destek vektör makineler, farklı çekirdek fonksiyonlarıyla kullanılabilir. Bunlar; kabaca iki alt başlık altında toplanırsa, doğrusal çekirdek ve doğrusal olmayan çekirdek fonksiyonuyla kullanılan algoritmalar⁶.

Rastgele Orman

En temel makine öğrenimi olan karar ağaçlarının bir araya getirilerek oluşturduğu hem sürekli yapıdaki değişkenler için kullanılabilen hem de kategorik yapıdaki değişkenler için kullanılabilen rastgele orman algoritması 2001 yılında Breiman tarafından bulunmuştur. Eksik verilerin tamamlanması, özellik seçimi ve modele katkı sunan değişkenlerin ağırlıklandırılması gibi birçok kullanım alanı vardır⁷.

Derin Öğrenme Modelleri

Uzun Kısa Dönem Hafıza Algoritması

LSTM (Long Short-Term Memory), özellikle zaman serisi verileri gibi dizisel veri yapılarında etkili olan bir türdür. LSTM, geleneksel sinir ağlarından farklı olarak, zaman bağımlılığı ve uzun dönemli bağımlılıkları daha etkili bir şekilde ele alabilen bir tür tekrarlayan sinir ağıdır⁸.

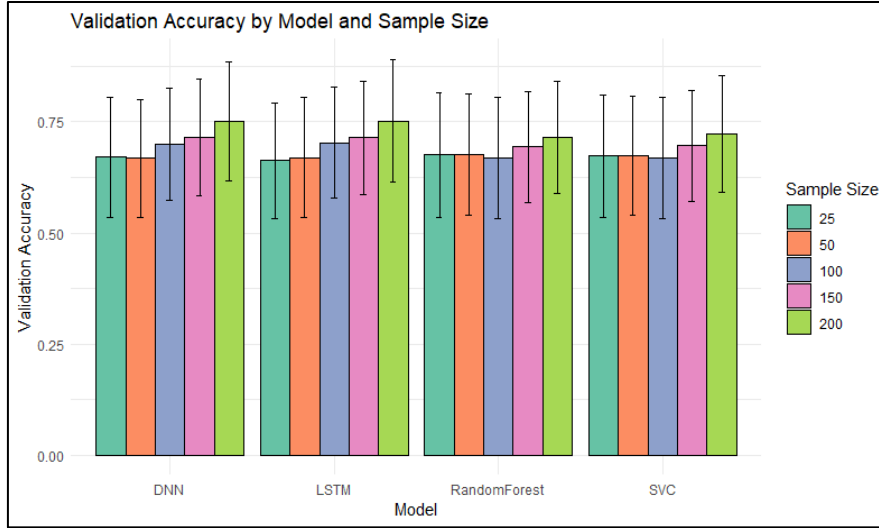
Derin Sinir Ağları

Derin sinir ağları, temel olarak Çok Katmanlı Algılayıcı (MLP) yapısına benzer ancak birden çok katman içeren bir yöntemdir. MLP, Yapay Sinir Ağı (YSA) yapısının tek bir gizli katmana sahip olan ve ileri beslemeli bir yapıda bilgi akışına göre sınıflama yapan bir derin öğrenimi modelidir⁹.

BULGULAR

Örneklem büyüklüğü arttıkça modellerin performansının da arttığı gözlemlenmiştir. Özellikle DNN ve LSTM modellerinin performansı, örneklem büyüklüğünün artmasıyla birlikte istikrarlı bir şekilde yükselmektedir.

LSTM modeli, genellikle diğer modellere göre daha yüksek F1-Score, Duyarlılık ve Özgüllük değerlerine sahiptir. LSTM modelinin dengeli bir performans gösterdiği söylenebilir. RF modeli, genellikle yüksek örneklem büyüklüklerinde etkili bir şekilde çalışmaktadır (Şekil 1).



DNN: Derin Sinir Ağları, LSTM: Uzun Kısa Dönem Hafıza Algoritması, RF: Rastgele Orman, SVC: Destek Vektör Makineleri

Şekil 1. Makine Öğrenimi ve Derin Öğrenme Modelleri Validasyon Performans Sonuçları

Tablo 1. Makine Öğrenimi ve Derin Öğrenme Modelleri Validasyon Performans Sonuçları

Örnek Genişliği	Model	Validasyon Doğruluk	Validasyon F1-Score	Validasyon Özgüllük	Validasyon Duyarlılık
25,00	DNN	0,67±0,14	0,70±0,14	0,74±0,13	0,73±0,14
25,00	LSTM	0,66±0,13	0,71±0,12	0,86±0,14	0,86±0,16
25,00	Random Forest	0,68±0,14	0,69±0,13	0,73±0,13	0,72±0,13
25,00	SVC	0,67±0,14	0,71±0,13	0,79±0,14	0,80±0,15
50,00	DNN	0,67±0,13	0,71±0,14	0,74±0,13	0,73±0,14
50,00	LSTM	0,67±0,13	0,72±0,12	0,85±0,14	0,86±0,16
50,00	Random Forest	0,68±0,14	0,70±0,14	0,74±0,13	0,73±0,13
50,00	SVC	0,67±0,13	0,72±0,13	0,82±0,14	0,82±0,15
100,00	DNN	0,70±0,13	0,73±0,15	0,77±0,13	0,76±0,16
100,00	LSTM	0,70±0,12	0,72±0,13	0,84±0,14	0,87±0,16
100,00	Random Forest	0,67±0,14	0,71±0,13	0,75±0,14	0,74±0,14
100,00	SVC	0,67±0,14	0,72±0,13	0,83±0,15	0,84±0,15
150,00	DNN	0,72±0,13	0,77±0,16	0,77±0,13	0,80±0,18
150,00	LSTM	0,71±0,13	0,74±0,14	0,82±0,12	0,88±0,16
150,00	Random Forest	0,69±0,13	0,72±0,15	0,78±0,14	0,77±0,16
150,00	SVC	0,70±0,12	0,73±0,12	0,84±0,14	0,86±0,16
200,00	DNN	0,75±0,13	0,76±0,17	0,78±0,12	0,84±0,19
200,00	LSTM	0,75±0,14	0,75±0,17	0,79±0,12	0,89±0,15
200,00	Random Forest	0,71±0,13	0,75±0,15	0,79±0,13	0,82±0,18
200,00	SVC	0,72±0,13	0,75±0,14	0,80±0,13	0,85±0,17

DNN: Derin Sinir Ağları, LSTM: Uzun Kısa Dönem Hafıza Algoritması, RF: Rastgele Orman, SVC: Destek Vektör Makineleri

RF modeli kendi içinde değerlendirildiğinde, 150 ve 200 örneklem büyüklüklerinde daha iyi performans gösterdiği gözlemlenmektedir (Tablo 1).

TARTIŞMA

Tüm modellerin aşağı yukarı aynı sonuçlar verdikleri gözlemlenmekle beraber, bu çalışmanın amacı doğrultusunda düşünülecek olursa, duyarlılık performans kriterinin dikkate alınması önem arz etmektedir. Dolayısıyla, LSTM ve SVM modellerinin yüksel doğruluk oranları dikkat çekmektedir. Ayrıca, SVM modeli için, Duyarlılık ve Özgüllük değerlerinde örnek genişliğinin artmasıyla birlikte belirgin bir iyileşme gözlemlenmiştir. Makine öğrenimi algoritmaları, bu tür verileri hızla analiz edebilir ve alternatif uç birleştirmeleri tanımlayabilir.

SONUÇ

Bu çalışma, alternatif uç birleştirmelerin belirlenmesi sürecinde, makine öğrenimi ve derin öğrenme modellerinin etkili bir şekilde kullanılabileceğini ortaya koymaktadır. Özellikle karmaşık veri yapıları içeren alternatif uç birleştirmelerini tespit etmek amacıyla derin öğrenmenin etkili olabileceğini önerilmektedir.

KAYNAKLAR

1. Roca, X., Sachidanandam, R., & Krainer, A. R. (2005). Determinants of the inherent strength of human 5' splice sites. *Rna*, 11(5), 683-698.
2. Satam, H., Joshi, K., Mangrolia, U., Waghoo, S., Zaidi, G., Rawool, S., ... & Malonia, S. K. (2023). Next-generation sequencing technology: Current trends and advancements. *Biology*, 12(7), 997.
3. Schmidt, B., & Hildebrandt, A. (2021). Deep learning in next-generation sequencing. *Drug discovery today*, 26(1), 173-180.
4. Oubounyt, M., Louadi, Z., Tayara, H., & Chong, K. T. (2018). Deep learning models based on distributed feature representations for alternative splicing prediction. *IEEE Access*, 6, 58826-58834.
5. Wickham, H. (2011). *ggplot2. Wiley interdisciplinary reviews: computational statistics*, 3(2), 180-185.
6. Suthaharan, S., & Suthaharan, S. (2016). Support vector machine. *Machine learning models and algorithms for big data classification: thinking with examples for effective learning*, 207-235.
7. Rigatti, S. J. (2017). Random forest. *Journal of Insurance Medicine*, 47(1), 31-39.
8. Yu, Y., Si, X., Hu, C., & Zhang, J. (2019). A review of recurrent neural networks: LSTM cells and network architectures. *Neural computation*, 31(7), 1235-1270.
9. Miikkulainen, R., Liang, J., Meyerson, E., Rawal, A., Fink, D., Francon, O., ... & Hodjat, B. (2019). Evolving deep neural networks. In *Artificial intelligence in the age of neural networks and brain computing* (pp. 293-312). Academic Press.

SB23

Makine Öğrenimi Yöntemleri ile Yaşam Doyum Puanı Tahmini

Ebru TURGAL¹, Beyza DOĞANAY², Furkan Bahadır ALPTEKİN³, Hüseyin Şehit BURHAN³

¹ Hazine ve Maliye Bakanlığı, Ankara.

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

³ Sağlık Bilimleri Üniversitesi, Başakşehir Çam ve Sakura Şehir Hastanesi, İstanbul.

e-posta: ebruturgal@gmail.com

Amaç: Bu çalışmada yaşam doyumu puanını etkileyen faktörler incelenerek literatürde en sık kullanılan makine öğrenmesi algoritmaları (Gradient Boosting (GBM), eXtreme Gradient Boosting (XGBoost), Light Gradient Boosting Machines (LightGBM), Random Forest (Rastgele Orman) (RF), Derin Öğrenme) kullanılmış ve bu algoritmaların performansları karşılaştırılarak en iyi algoritmaya göre değişkenlerin önem seviyeleri değerlendirilmiştir.

Yöntem: Makine Öğrenmesi yöntemlerinden olan Gradient Boosting (GBM), eXtreme Gradient Boosting (XGBoost), Light Gradient Boosting Machines (LightGBM), Random Forest (Rastgele Orman) (RF) ve Derin Öğrenme başlıklarına kısaca değinilmiştir.

1.1. Makine Öğrenmesi Yöntemleri

1.1.1. Gradient Boosting (GBM)

Hem regresyon hem de sınıflandırma kusurları için çalışan bir topluluk makine öğrenme algoritmasıdır. GBM, güçlü bir öğrenici oluşturmak için bir takım zayıf öğrenicileri birleştirerek, yükseltme tekniği kullanmaktadır (1).

Güçlü bir öğrenen oluşturmak için birden çok zayıf öğreniciyi (genellikle karar ağaçları) birleştiren bir makine öğrenimi algoritmasıdır. Her yeni modelin önceki model tarafından yapılan hataları düzeltmeye çalıştığı, adım adım modeller oluşturan bir topluluk yöntemidir.

1.1.2. eXtreme Gradient Boosting (XGBoost)

XGBoost, kullanım kolaylığı ve tespit gücü sayesinde Kaggle yarışmalarında en bilinen makine öğrenmesi algoritması olarak anılmaktadır. Genellikle regresyon ve sınıflandırma işlevli için kullanılmakta olan gözetimli (denetimli) öğrenme algoritmasıdır (2).

XGBoost (Extreme Gradient Boosting), hız ve performans için tasarlanmış bir gradyan güçlendirme çerçevesidir. Büyük ölçekli ve yüksek boyutlu veri kümelerini işleyebilen optimize edilmiş bir dağıtılmış gradyan artırma kütüphanesidir (2).

Karmaşık modelleri cezalandıran, fazla uydurmayı önleyen ve model performansını iyileştiren bir düzenleme terimi kullanır. Ek olarak XGBoost, yanlış sınıflandırılmış örneklere odaklanmak ve model doğruluğunu artırmak için güçlendirme adı verilen bir teknik kullanır (2).

XGBoost aslında veri madenciliğinde son derece hızlı ve yüksek performansı nedeniyle oldukça popüler bir araç olan başka bir ağaç tabanlı bir modeldir. Bir ağaç modeli olarak XGBoost, RF'den 10 kat daha hızlı çalışabilen paralel hesaplama yapabilir.

Bu algoritma, her adımda zaten oluşturulmuş olan ağaçları tamamlamak için yeni bir ağaç eklediği açgözlü (greedy) bir yöntemeye dayanan eklemeli bir ağaç modelidir. Bu genellikle daha fazla ağaçla daha iyi doğruluk sağlar. Son cevap değişkeni, her bir bireysel ağaçtan gelen tahminlerin ağırlıklı toplamıdır veya bunu tüm karar ağaçlarının optimal lineer birleşimi olarak düşünebiliriz (3). Her bir karar ağacı için, ağaca akan özellikler sonunda ikili bir kriterle yaprağa ulaşır, bu nedenle özelliklerin dikkatli bir şekilde normalizasyon yapılmasına gerek yoktur. Bu özellikle kategorik veriler için uygundur (4). Bu avantajlar, XGBoost'u hızlı ve büyük ölçekli veri kümeleri ile başa çıkma yeteneği ve kategorik ve sayısal değişkenleri bir araya getiren anonim özellikleri işleme yeteneği nedeniyle bizim durumumuzda ideal bir model haline getirir.

1.1.3. Light Gradient Boosting Machines (LightGBM)

İsmi "Light" kelimesini içerdiği için, hızlı çalışmasını simgeleyerek "ışık hızında" veya "hafif" olarak Türkçeye çevrilen bir yüksek hızlı gradient boosting algoritmasıdır. Bu algoritma, karar ağacı temelini kullanır ve büyük bir hızda çalışabilen bir çerçeve sunar (5).

1.1.4. Random Forest (RF)

RF algoritması, denetimli öğrenme için kullanılan bir makine öğrenimi algoritmasıdır ve sınıflandırma ile regresyon görevlerini çözmek için kullanılır. Temelde, bir dizi eğitilmiş karar ağacının bir araya gelerek oluşturulduğu bir algoritmadır (6).

Bu algoritmada kullanılan karar ağaçları bağımsız olarak eğitilmiştir ve aynı girdiye dayalı farklı tahminlerde bulunabilirler. Rastgele orman algoritması, bu ağaçlardan gelen sonuçların ortalamasının alındığı ve yeni bir tahmin yöntemi kullanıldığı bir yaklaşımı temel alır (6). İhtiyaç doğrultusunda istenilen sayıda karar ağacının kullanılabilmesi, diğer sınıflandırma yöntemlerine kıyasla daha esnek bir yapı sunar ve bu nedenle avantajlıdır.

1.1.5. Derin Öğrenme

Derin öğrenme, derin ve çok katmanlı sinir ağlarını kullanan bir öğrenme yöntemidir. Derin öğrenme en iyi tahmin sonuçlarını elde etmek için, karmaşık bilgileri ayrıştırır, beynin hiyerarşik organizasyonunu modeller ve sürekli olarak ayarları değiştirir (7,8).

1.2. Model Parametreleri

1.2.1. Gradient Boosting için Model Parametreleri

n.trees: Gradient Boosting modellerinde kullanılan bir hiperparametredir ve bir toplamda kaç ağaç (decision tree) oluşturulacağını belirler. Bu parametre, Gradient Boosting algoritmasının kaç tur (boosting rounds veya iterations) yapılacağını gösterir. Parametre 500 olarak alınmıştır.

Learning_rate: Ağaçları ölçeklendirmek için 0-1 arasında verilen bir değerdir. Parametre 0,3 olarak alınmıştır.

n.minobsinnode: Gradient Boosting modelleri için ağaçların oluşturulurken bir düğümün (node) bölünmesi için gereken minimum gözlem (veri noktası) sayısını belirleyen bir hiperparametredir. Bir düğümün ikiye bölünmesi için gereken minimum veri sayısını belirtir. Değer 10 olarak ayarlandığında, bir düğüm yalnızca bu düğümde en az 10 veri noktası bulunduğunda bölünebilir.

1.2.2. eXtreme Gradient Boosting (XGBoost) için Model Parametreleri

Max_Depth: Ağacın dallarının aşağı doğru uzamasının değeridir. 3 olarak alınmıştır.

Learning_rate: Ağaçları ölçeklendirmek için 0-1 arasında verilen bir değerdir. Bu değer küçük olması daha iyi tahmin gücüne yardımcı olmaktadır. Fakat; öğrenim süresini ve aşırı öğrenme olasılığını arttıracaktır. Varsayılan parametre 0,3 olarak alınmıştır.

Iterations: Oluşturulacak ağaç sayısıdır. Az olması eksik öğrenmeye, fazla olması aşırı öğrenmeye neden olabilmektedir. Ayrıca sayının artması eğitim süresini de arttırmaktadır. Varsayılan parametre 100 olarak alınmıştır.

N_rounds: XGBoost algoritmasının ne kadar süre boyunca zayıf öğrencileri (genellikle karar ağaçları) toplam modele ekleyeceğini kontrol eder. 56 olarak alınmıştır.

1.2.3. LightGBM için Model Parametreleri

Learning_rate: Ağaçları ölçeklendirmek için 0-1 arasında verilen bir değerdir. Parametre 0,3 olarak alınmıştır.

min_data (min_data_in_leaf): LightGBM algoritmasının hiperparametrelerinden biridir ve LightGBM modelinin oluşturulurken bir yaprak düğümünde (leaf node) en az kaç veri noktasının bulunması gerektiğini belirler. Bu parametre, modelin karmaşıklığını kontrol etmek, aşırı uyumu önlemek ve genelleştirmeyi artırmak için kullanılır. 10 olarak alınmıştır.

N_rounds: LightGBM algoritmasının ne kadar süre boyunca zayıf öğrencileri (genellikle karar ağaçları) toplam modele ekleyeceğini kontrol eder. 5 olarak alınmıştır.

1.2.4. Random Forest için Model Parametreleri

n.tree: rastgele ormanın içerdiği ağaçların sayısını ifade eder. Rastgele ormanları bir veri kümesini kullanarak birden fazla karar ağacı oluşturur ve bu ağaçların sonuçlarını bir araya getirerek daha güçlü ve kararlı bir tahmin modeli oluşturur. Her bir ağaç, rastgele örnekleme ve rastgele değişken seçimi gibi teknikler kullanarak farklı sonuçlar üretebilir. Parametre 25 olarak alınmıştır.

Max_Depth: Ağacın dallarının aşağı doğru uzamasının değeridir. 5 olarak alınmıştır.

n_folds: nfolds terimi, çapraz doğrulama (cross-validation) işleminde kullanılan katlama (fold) sayısını ifade eder. Çapraz doğrulama, bir makine öğrenimi modelinin performansını daha güvenilir bir şekilde değerlendirmek için kullanılan bir tekniktir. Veri kümesini rastgele böler ve her katlamada modelin eğitim ve test verileri olarak kullanılmasını sağlar. nfolds parametresi, çapraz doğrulama işleminin kaç katlamada gerçekleştirileceğini belirler. nfolds = 5 olarak alınmıştır, veri kümesi 5 farklı katlama (fold) veya parçaya bölünecektir. Her bir katlamada model, eğitim için 4 katlama kullanacak ve test için kalan 1 katlamayı kullanacaktır. Bu işlem 5 defa tekrarlanır, her seferinde farklı bir katlama test verisi olarak kullanılır.

Stopping_rounds: Modelin eğitimini durdurma koşulunu belirler. Bu parametre, modelin aşırı uyumu önlemek veya eğitimi hızlandırmak için kullanılır. Stopping rounds parametresi, genellikle bir değer (örneğin, 5, 10, veya daha büyük bir sayı) olarak belirtilir ve eğitim süreci sırasında her turda (boosting round) modelin performansını izler. Eğer belirtilen sayıda tur boyunca modelin performansı (örneğin, doğruluk veya hata oranı) daha iyi hale gelmezse, eğitim otomatik olarak durdurulur. Bu, aşırı uymayı önlemek veya eğitim süresini kısaltmak için kullanışlı bir hiperparametredir. Parametre 10 olarak alınmıştır.

1.2.5. Derin Öğrenme için Model Parametreleri

hidden = c(6,6,4,7) ifadesi, bir yapay sinir ağı (neural network) modelinin katmanlarının yapısını belirtir. Bu ifade, birçok katmanlı bir yapay sinir ağının (derin öğrenme modeli) yapısını tanımlar. Her bir sayı, ilgili gizli (hidden) katmanda bulunan nöronların sayısını ifade eder.

epochs = 1000: Bir yapay sinir ağı modelinin eğitim döngülerinin toplam sayısını belirtir. Her bir epoch, modelin tam veri kümesi üzerinden bir kez eğitildiği bir eğitim iterasyonunu temsil eder. Yani, epochs = 1000 ifadesi, bu modelin eğitim işleminin toplamda 1000 epoch boyunca gerçekleşeceğini gösterir. Her epoch, veri seti üzerinden geçer ve modelin ağırlıklarını güncellemesi için kullanılır. Bu, modelin veriye uyum sağlamasını ve öğrenmesini sağlayan bir süreçtir.

train_samples_per_iteration: Otomatik makine öğrenimi (AutoML) veya otomatik model eğitimi süreçlerinde kullanılan bir hiperparametre ayarıdır. Bu parametre, her eğitim iterasyonunda (epoch) modelin kaç örnek üzerinde eğitim yapacağını belirler. Bu ifade, train_samples_per_iteration hiperparametresinin değerini belirtirken -1 olarak ayarlandığını gösterir. -1 değeri, otomatik makine öğrenimi kütüphanelerinde veya platformlarında genellikle "tüm veri" anlamına gelir. Yani, bu ayar, her epoch sırasında tüm eğitim verilerinin kullanılacağı anlamına gelir.

2.6. Uygulama Verisi

Uygulama verisi için Yaşam Doyumu Ölçeği (YDÖ), Hastane Anksiyete ve Depresyon Ölçeği (HAD), Kabul ve Eylem Formu (KEF-II), Kısa Sosyal Ritim Ölçeği (KSRÖ), Tuckman Erteleme Davranışı Ölçeği (TOAD) kullanılmıştır (9,10,11,12,13).

Ölçekler ve kişisel anket formu 18 Haziran - 1 Eylül 2023 tarihleri arasında Google Anketler üzerinden 1387 kişiye uygulanmıştır.

BULGULAR

Uygulama verisine ait bireylerin özellikleri ve ölçek puanları Tablo 1’de gösterilmektedir.

Tablo 1: Bireylerin Özellikleri ve Ölçek Puanları

	Bireyler (n=1387)	
	ort±ss	Minumum-Maksimum
Yaş	33,51±11,58	14-77
Boy	166,32±7,74	147-195
Kilo	66,38±14,02	32-154
BMI	23.94±4,54	13,14-68,44
Erteleme	37,99±11,81	14-70
Esneklik	24,70±10,79	7-49

Yaşam Doyumu	15,04±4,45	5-25
Anksiyete	8,79±4,37	0-21
Depresyon	6,94±4,02	0-20
Mtoplam	47,96±11,20	16-77

ort:ortalama; ss:standart sapma

Tablo 2: Bireylerin Demografik Özellikleri

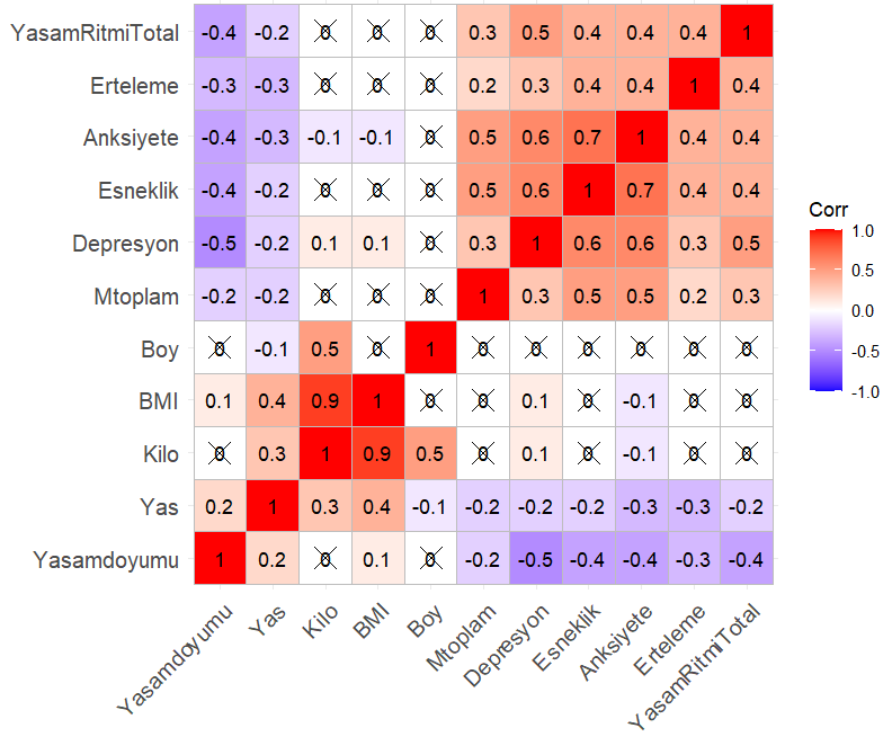
	n (%)
Cinsiyet	
Erkek	276 (%19,9)
Kadın	1111 (%80,1)
Kronik Hastalık	
Var	249 (%18)
Yok	1138 (%82)
Medeni Durum	
Evli	669 (%48,2)
Bekâr	674 (%48,6)
Dul	44 (%3,2)
Eğitim Durumu	
1	13 (%0,9)
2	30 (%2,2)
3	239 (%17,2)
4	756 (%54,5)
5	349 (%25,2)
Egzersiz Sıklığı	
1	918 (%59,4)
2	234 (%22)
3	218 (%12,6)
4	63 (%3,7)
5	19 (%3,2)
Sigara Sıklığı	
1	918 (%)
2	163 (%)
3	99 (%)
4	167 (%)
5	40 (%)
Alkol Sıklığı	
1	853 (%61,5)
2	234 (%16,9)
3	218 (%15,7)
4	63 (%4,5)
5	19 (%1,4)
Adım Sayısı	
1	310 (%22,4)
2	509 (%36,7)
3	369 (%26,6)
4	144 (%10,4)
5	55 (%4)

Ekran Süresi	n	ort±ss	p değeri		
1	58 (%4,2)				
2	407 (%29,3)				
3	569 (%41,0)				
4	280 (%20,2)				
5	73 (%5,3)				
Cinsiyet	n	ort±ss	p değeri		
Erkek	276	14,87±4,53	0,476		
Kadın	1111	15,08±4,43			
Eğitim				Fark yaratan grup	
1	13	14,85±5,97	<0,001	3-4	<0,001
2	30	13,97±5,02		3-5	<0,001
3	239	13,62±4,39		4-5	<0,001
4	756	15,01±4,29			
5	349	15,04±4,45			
Medeni Durum				Fark yaratan grup	
Evli	13	14,85±5,97	<0,001	1-2	<0,001
Bekâr	30	13,97±5,02			
Dul	239	13,62±4,39			
Kronik Hastalık					
Yok	1138	15,03±4,45	0,865		
Var	249	15,07±4,43			
Egzersiz Sıklığı				Fark yaratan grup	
1	910	14,56±4,42	<0,001	1-3	0,013
2	305	15,55±4,29		1-5	<0,001
3	175	15,74±4,29		1-2	0,008
4	52	15,13±5,21			
5	45	17,40±4,28			
Sigara Sıklığı					
1	918	15,18±4,35	0,055		
2	163	14,5±4,50			
3	99	15,65±4,87			
4	167	14,77±4,56			
5	40	13,73±4,67			
Alkol Sıklığı				Fark yaratan grup	
1	853	15,16±4,41	0,007	1-5	0,022
2	234	14,61±4,61		2-5	0,005
3	218	14,78±4,43		3-5	0,009
4	63	14,87±3,96		4-5	0,030
5	19	18,32±4,92			
Adım Sayısı				Fark yaratan grup	
1	310	14,46±4,45	0,019	1-3	0,011
2	509	15,09±4,35			
3	369	15,57±4,21			
4	144	14,99±4,94			
5	55	14,42±5,18			
Ekran Süresi				Fark yaratan grup	
1	58	16,69±4,59	<0,001	1-3	0,016
2	407	16,09±4,30		1-4	0,001
3	569	14,79±4,31		1-5	<0,001

Tablo 3: Bireylerin gruplar içindeki yaşam doyumu puanları

				2-3	<0,001
4	280	14,24±4,49		2-4	<0,001
				2-5	<0,001
5	73	12,89±4,55		3-5	0,005

ort:ortalama; ss:standart sapma



Şekil 1. Korelasyon Matrisi

Tablo 4: Test metrikleri karşılaştırması

Modeller	Gradient boosting	XGBoost	LightGBM	Rastgele Orman	Derin öğrenme
MAE	3,080872	3,333292	3,333292	3,052916	2,839375
RMSE	3,929	4,191613	4,191613	3,839024	3,610987

Veri setini en iyi açıklayan modelin seçiminde MAE ve RMSE kullanılarak en uygun model seçilmiştir. R yazılım dilinde H2O.ai Makine Öğrenme Platformundan Derin Öğrenme algoritmasının diğer algoritmalarla göre daha düşük MSE ve RMSE derecesine sahip olduğu gözlemlenmiştir.

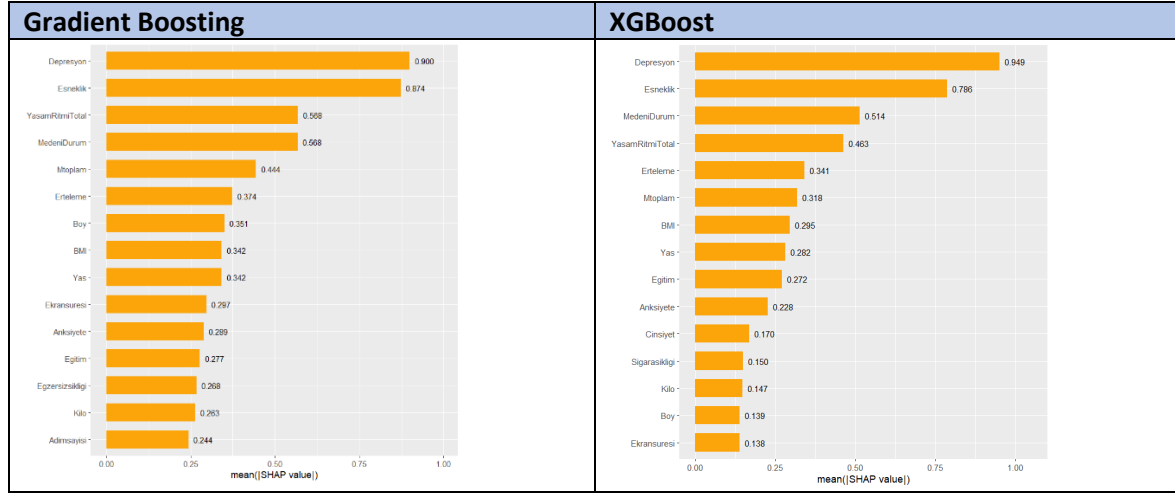
SONUÇLAR

SHapley Additive exPlanations

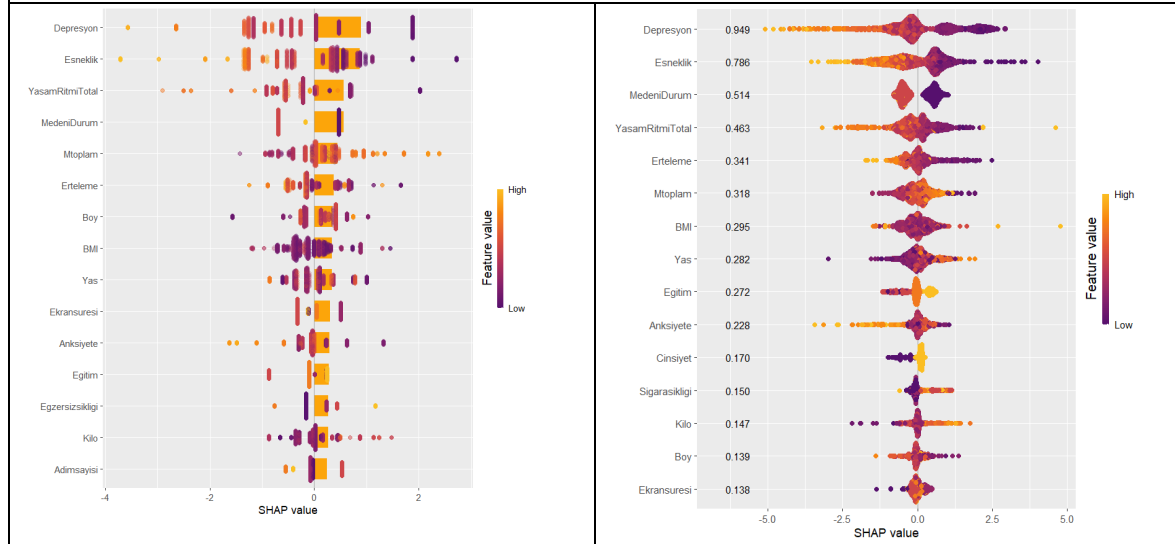
SHAP değerleri her bir özelliğin modelin sonuca olan katkısını gösterir. Eğitilen veri seti için modelden beklenen bir çıktı değeri vardır. Bu değere taban değer denir. SHAP değerlerinin modele olan katkısı ise modelin bu taban değerden ne kadar uzaklaştığını göstermektedir. Daha fazla katkı sunan özellikler model için önemli olan özellikler olarak kabul edilir. Bu katkılar negatif ve pozitif de olabilir.

Mutlak SHAP değerleri özelliklerin önemini belirtirken, tüm sonuçlar için mutlak SHAP değerlerinin ortalaması ise genel önem değerlerini belirtmektedir (14).

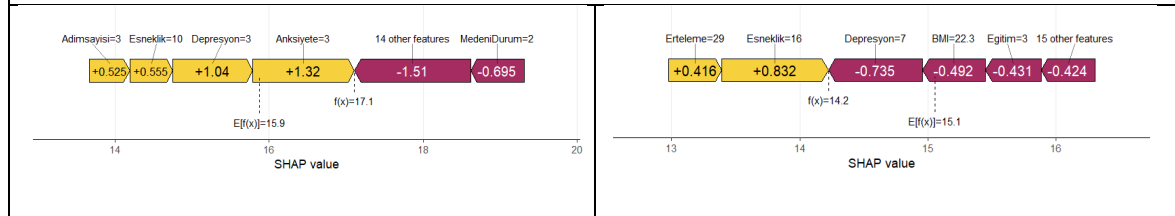
Bu çalışmada hangi parametrelerin yaşam doyumu puanı belirlemede nasıl bir katkı sunduğu SHAP değerleri kullanılarak gösterilmiştir.



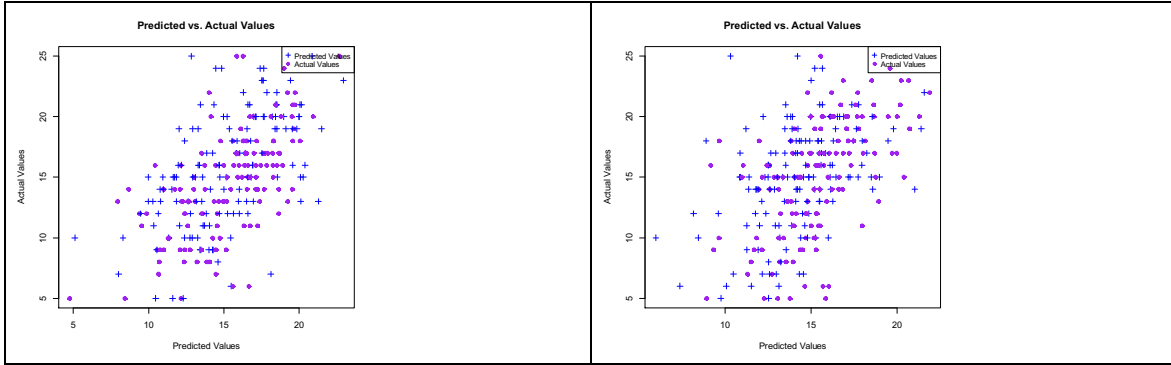
Şekil 2: SHAP tekniği ile özet grafik; özellik önem analizi



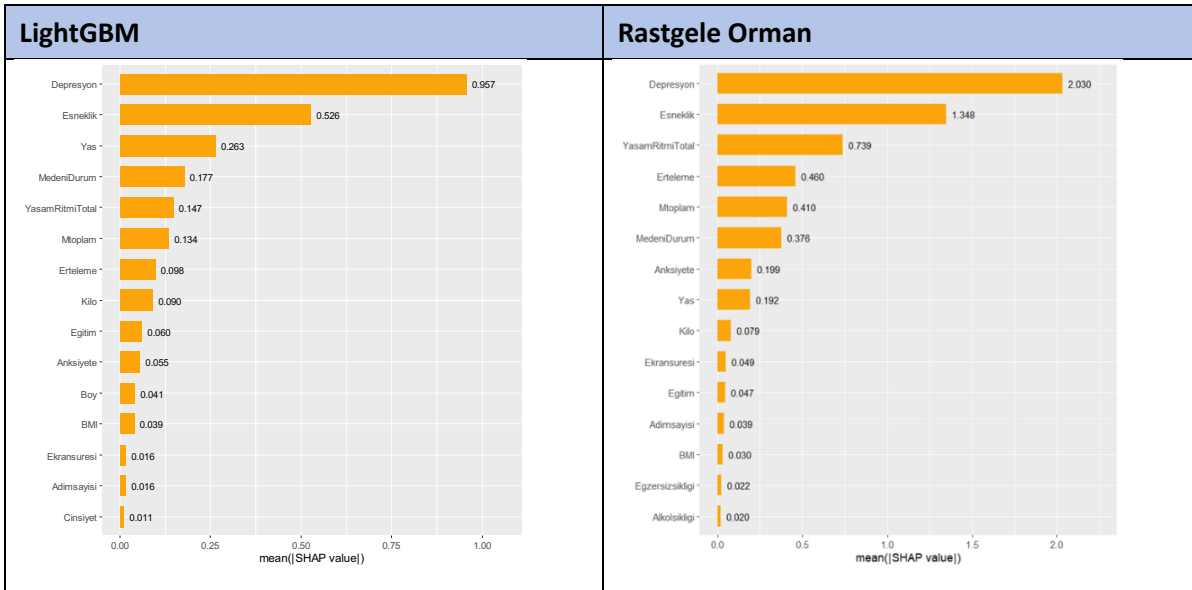
Şekil 3: Modelin ilk 15 özelliğinin SHAP özet grafiği



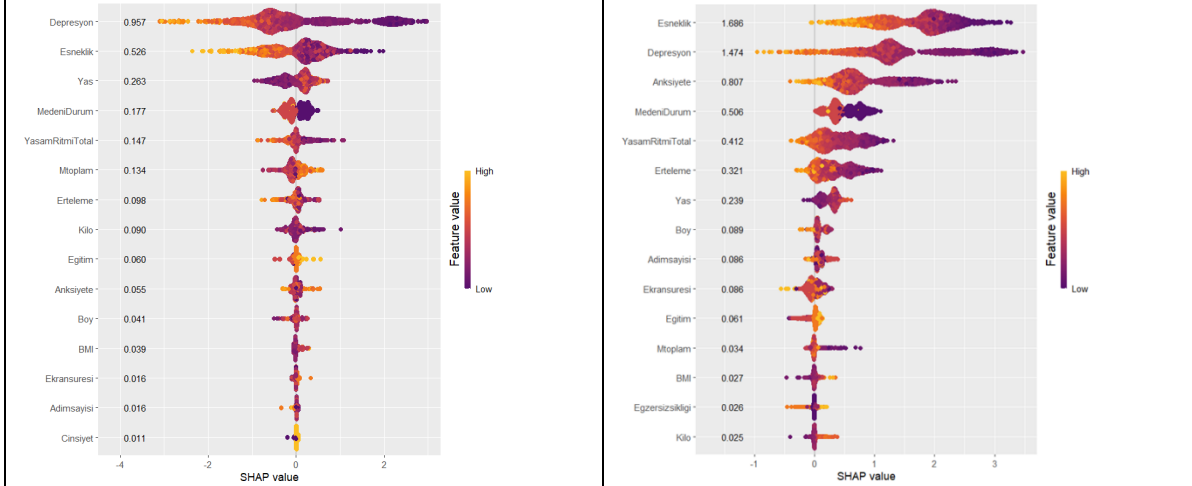
Şekil 4: SHAP kuvvet grafiği; Tree SHAP kullanarak model tarafından üretilen birinci bireyin tahmini



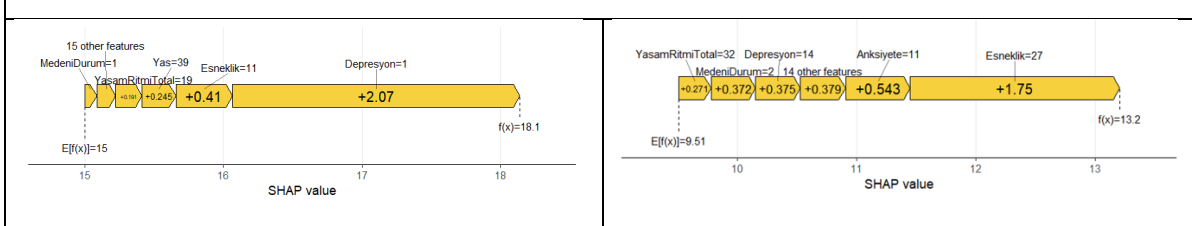
Şekil 5: Gerçek değerler vs. tahmin edilen değerler



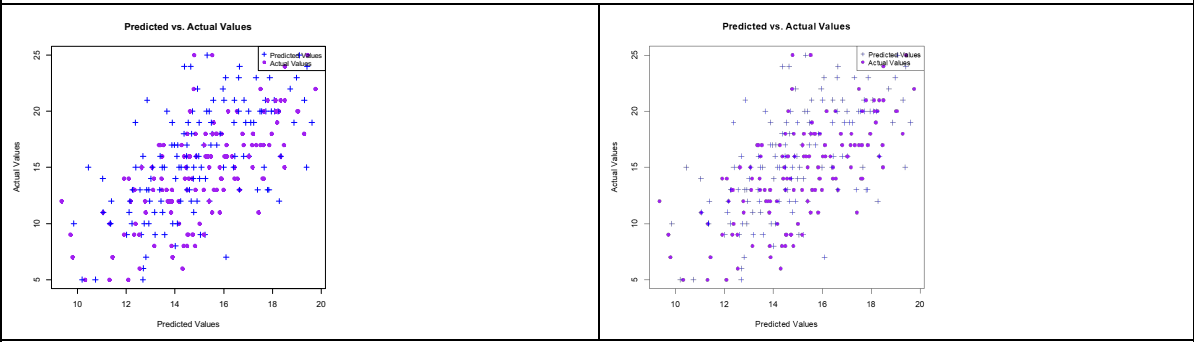
Şekil 6: SHAP tekniği ile özet grafik; özellik önem analizi



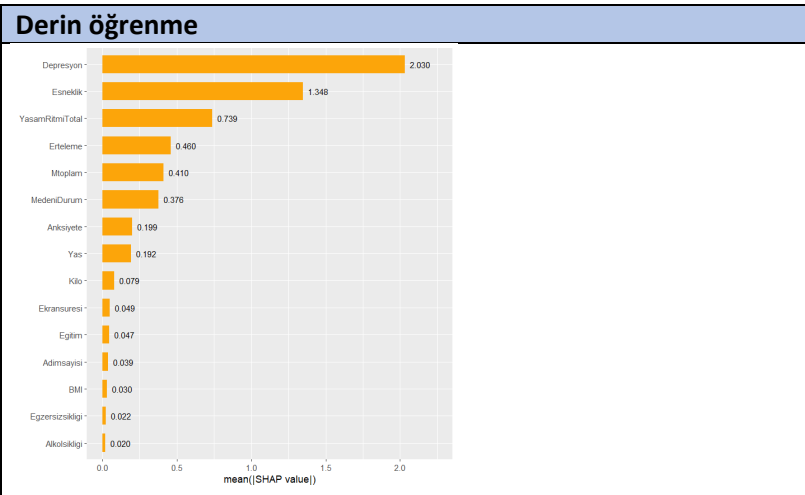
Şekil 7: Modelin ilk 15 özelliğinin SHAP özet grafiği



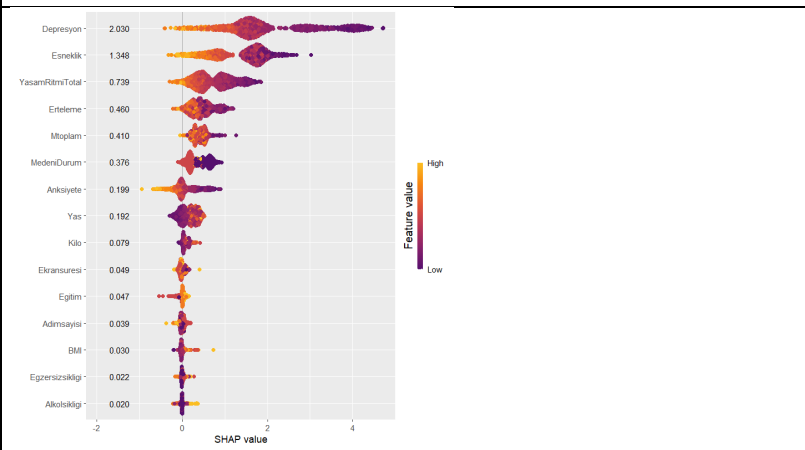
Şekil 8: SHAP kuvvet grafiği; Tree SHAP kullanarak model tarafından üretilen birinci bireyin tahmini



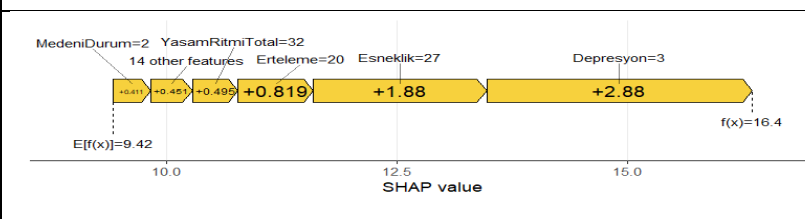
Şekil 9: Gerçek değerler vs. tahmin edilen değerler

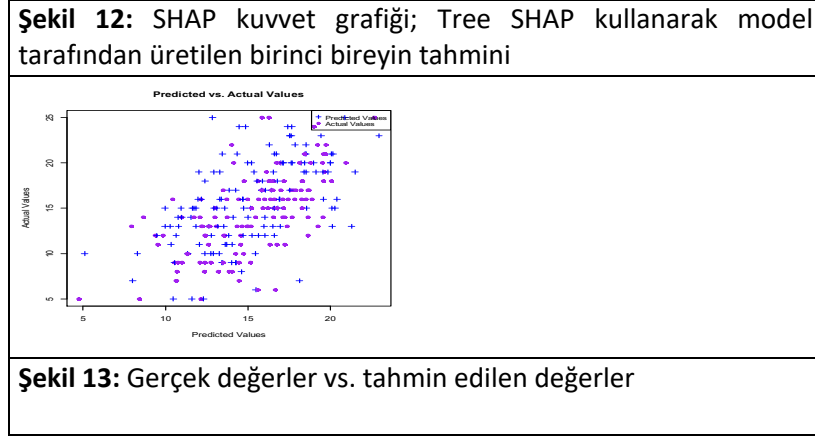


Şekil 10: SHAP tekniği ile özet grafik; özellik önem analizi



Şekil 11: SHAP tekniği ile özet grafik; özellik önem analizi





Gradient Boosting yönteminde;

Şekil 3 için; bir özelliğin SHAP değeri ne kadar yüksekse, yaşam doyumu puanının yüksek olma olasılığı o kadar yüksektir (15). Her bir hastanın modeli için her özellik katkı değeri için bir nokta oluşturulur ve bu nedenle her bir hastaya her özellik için bir nokta tahsis edilir. Noktalar, ilgili hastanın özellik değerlerine göre renklendirilir ve yoğunluğu göstermek için dikey olarak birikir. Turuncu-sarı daha yüksek özellik değerlerini temsil ederken, mor daha düşük özellik değerlerini temsil eder.

Şekil 4 için; modelin tahmin değerinin 15,9 olduğu ve 1. bireyin logit dönüşümü olmadan 17,1 olduğu belirtilmektedir. Ayrıca, sarı renk, özelliğin yaşam doyumu puanını artırdığını, mor renk ise özelliğin yaşam doyumu puanını azalttığını göstermektedir. Görselleştirmek için GBM tarafından seçilen ilk gözlem tahminini seçtik. Sarı bölgede bulunan özellikler; bu özelliklerin yaşam doyumu puanını yüksek değerlere ittiğini gösterir.

XGBoost yönteminde;

Şekil 3 için; bir özelliğin SHAP değeri ne kadar yüksekse, yaşam doyumu puanının yüksek olma olasılığı o kadar yüksektir (15). Her bir hastanın modeli için her özellik katkı değeri için bir nokta oluşturulur ve bu nedenle her bir hastaya her özellik için bir nokta tahsis edilir. Noktalar, ilgili hastanın özellik değerlerine göre renklendirilir ve yoğunluğu göstermek için dikey olarak birikir. Turuncu-sarı daha yüksek özellik değerlerini temsil ederken, mor daha düşük özellik değerlerini temsil eder.

Şekil 4 için; modelin tahmin değerinin 15,1 olduğu ve 1. bireyin logit dönüşümü olmadan 14,2 olduğu belirtilmektedir. Ayrıca, sarı renk, özelliğin yaşam doyumu puanını artırdığını, mor renk ise özelliğin yaşam doyumu puanını azalttığını göstermektedir. Görselleştirmek için XGBoost tarafından seçilen ilk gözlem tahminini seçtik. Sarı bölgede bulunan özellikler; bu özelliklerin yaşam doyumu puanını yüksek değerlere ittiğini gösterir.

LightGBM yönteminde;

Şekil 3 için; bir özelliğin SHAP değeri ne kadar yüksekse, yaşam doyumu puanının yüksek olma olasılığı o kadar yüksektir (15). Her bir hastanın modeli için her özellik katkı değeri için bir nokta oluşturulur ve bu nedenle her bir hastaya her özellik için bir nokta tahsis edilir. Noktalar, ilgili hastanın özellik değerlerine göre renklendirilir ve yoğunluğu göstermek için dikey olarak birikir. Turuncu-sarı daha yüksek özellik değerlerini temsil ederken, mor daha düşük özellik değerlerini temsil eder.

Şekil 4 için; modelin tahmin değerinin 15 olduğu ve 1. bireyin logit dönüşümü olmadan 18,1 olduğu belirtilmektedir. Ayrıca, sarı renk, özelliğin yaşam doyumu puanını artırdığını, mor renk ise özelliğin yaşam doyumu puanını azalttığını göstermektedir. Görselleştirmek için LightGBM tarafından seçilen ilk gözlem tahminini seçtik. Sarı bölgede bulunan özellikler; bu özelliklerin yaşam doyumu puanını yüksek değerlere ittiğini gösterir.

Derin Öğrenme yönteminde;

Şekil 11 için; bir özelliğin SHAP değeri ne kadar yüksekse, yaşam doyumu puanının yüksek olma olasılığı o kadar yüksektir (15). Her bir hastanın modeli için her özellik katkı değeri için bir nokta oluşturulur ve bu nedenle her bir hastaya her özellik için bir nokta tahsis edilir. Noktalar, ilgili hastanın özellik değerlerine göre renklendirilir ve yoğunluğu göstermek için dikey olarak birikir. Turuncu-sarı daha yüksek özellik değerlerini temsil ederken, mor daha düşük özellik değerlerini temsil eder.

Şekil 12 için; modelin tahmin değerinin 9.42 olduğu ve 1.bireyin logit dönüşümü olmadan 16,4 olduğu belirtilmektedir. Ayrıca, sarı renk, özelliğin yaşam doyumu puanını artırdığını, mor renk ise özelliğin yaşam doyumu puanını azalttığını göstermektedir. Görselleştirmek için derin öğrenme tarafından seçilen ilk gözlem tahminini seçtik. Sarı bölgede bulunan özellikler; bu özelliklerin yaşam doyumu puanını yüksek değerlere ittiğini gösterir.

Makine öğrenimi algoritmalarında görülen depresyon ve esneklik tahmin edicileri geliştirilmiş lineer model sonuçlarına göre de anlamlı bulunmuştur ($p < 0,001$) (Ek-1).

Sonuç olarak; veri setini en iyi açıklayan modelin seçiminde MAE ve RMSE kullanılarak en uygun model seçilmiştir. R yazılım dilinde H2O.ai Makine Öğrenme Platformundan Derin Öğrenme algoritmasının diğer algoritmalara göre daha düşük MSE ve RMSE derecesine sahip olduğu gözlemlenmiştir. Bu sonuca göre H2O.ai Makine Öğrenme Platformundan *derin öğrenme* algoritmasının yaşam doyumu puanı tahmini için en başarılı tahmin edici olduğu söylenebilir.

Anahtar Kelimeler: Makine Öğrenmesi, SHAP, Yaşam Doyum

Ek 1: Genelleştirilmiş Lineer Model Sonuçları

Parametre	B	st hata	95% Wald Güven Aralığı		p değeri
			alt sınır	üst sınır	
sabit	26.538	10.9625	5.052	48.024	0.015
Yaş	0.000	0.0127	-0.025	0.025	0.987
Boy	-0.023	0.0654	-0.151	0.105	0.722
Kilo	0.060	0.0773	-0.092	0.211	0.440
BMI	-0.121	0.2099	-0.532	0.291	0.566
Erteleme	-0.040	0.0097	-0.060	-0.021	<0.001
Esneklik	-0.078	0.0132	-0.104	-0.052	<0.001
Anksiyete	-0.060	0.0338	-0.126	0.006	0.076
Depresyon	-0.315	0.0329	-0.380	-0.251	<0.001
M-Toplam	0.025	0.0103	0.005	0.046	0.014
[Cinsiyet=1]	-0.974	0.3527	-1.665	-0.283	0.006
[Cinsiyet=2]	0 ^a				
[Eğitim=1]	-1.018	1.0396	-3.055	1.020	0.328
[Eğitim=2]	-1.134	0.6987	-2.503	0.236	0.105
[Eğitim=3]	-1.356	0.3241	-1.991	-0.720	<0.001
[Eğitim=4]	-0.570	0.2404	-1.041	-0.099	0.018
[Eğitim=5]	0 ^a				
[Medeni Durum=1]	0.822	0.5851	-0.325	1.968	0.160
[Meden Durumi=2]	-0.292	0.6221	-1.511	0.927	0.639
[Medeni Durum=3]	0 ^a				
[Kronik=0]	0.258	0.2732	-0.278	0.793	0.345
[Kronik=1]	0 ^a				
[Egzersiz sıklığı=1]	-1.582	0.5852	-2.729	-0.435	0.007
[Egzersiz sıklığı=2]	-1.119	0.5979	-2.291	0.053	0.061
[Egzersiz sıklığı=3]	-1.011	0.6195	-2.225	0.203	0.103
[Egzersiz sıklığı=4]	-1.413	0.7451	-2.874	0.047	0.058
[Egzersiz sıklığı=5]	0 ^a				

[Sigara sıklığı=1]	-0.327	0.6104	-1.523	0.869	0.592
[Sigara sıklığı=2]	-0.768	0.6521	-2.047	0.510	0.239
[Sigara sıklığı=3]	0.788	0.6908	-0.566	2.142	0.254
[Sigara sıklığı=4]	-0.111	0.6459	-1.377	1.155	0.863
[Sigarasıklığı=5]	0 ^a				
[Alkol sıklığı=1]	-2.541	0.8596	-4.226	-0.856	0.003
[Alkol sıklığı=2]	-2.700	0.8764	-4.418	-0.983	0.002
[Alkol sıklığı=3]	-3.013	0.8763	-4.731	-1.296	0.001
[Alkol sıklığı=4]	-2.989	0.9538	-4.858	-1.119	0.002
[Alkol sıklığı=5]	0 ^a				
[Adım sayısı=1]	0.390	0.5672	-0.722	1.501	0.492
[Adım sayısı=2]	0.507	0.5436	-0.559	1.572	0.351
[Adım sayısı=3]	0.870	0.5414	-0.191	1.931	0.108
[Adım sayısı=4]	0.144	0.5824	-0.997	1.286	0.804
[Adım sayısı=5]	0 ^a				
[Ekran süresi=1]	0.342	0.6762	-0.983	1.667	0.613
[Ekran süresi=2]	0.604	0.4863	-0.349	1.557	0.214
[Ekran süresi=3]	-0.026	0.4623	-0.932	0.881	0.956
[Ekran süresi=4]	0.489	0.4775	-0.447	1.425	0.306
[Ekran süresi=5]	0 ^a				
(Scale)	12,892 ^b	0.4895	11.967	13.888	

KAYNAKÇA

1. Ke, G., Meng, Q., Finley, T., Wang, T., Chen, W., Ma, W., ... & Liu, T. Y. (2017). Lightgbm: A highly efficient gradient boosting decision tree. *Advances in neural information processing systems*, 30.
2. Güner, S (2023). Makine Öğrenmesi Yöntemleri ile Yazılım Hata Miktarlarının Tahmin Edilmesi. Haliç Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, İstanbul.
3. Kaya, M (2023). Geopolimer Betonun Yangın Dayanımının Makine Öğrenmesi Algoritmaları Kullanılarak Modellenmesi. İğdır Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, İğdır.
4. Chen T, Guestrin C. XGBoost: A scalable tree boosting system. In: *Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining.*: Association for Computing Machinery; 2016 Presented at: 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining; August 13-17, 2016; San Francisco, CA p. 785-794. [doi: 10.1145/2939672.2939785]
5. Arslan, Y (2023). lightgbm Algoritması ile Yeni Bir Satış Tahmin Modelinin Oluşturulması ve Perakende Sektörüne Uygulanması. İstanbul Aydın Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, İstanbul.
6. Breiman L. Random forests. *Mach Learn* 2001; 45:5-32. [doi: 10.1023/A:1010933404324]
7. H2O.ai. (2022) h2o: R Interface for H2O. R package version 3.42.0.2. <https://github.com/h2oai/h2o-3>.
8. Ling, L., Huang, J., & Lu, Y. (2022, July). Study on Artifact Classification Identification Based on Deep Learning. In *2022 3rd International Conference on Information Science, Parallel and Distributed Systems (ISPDS)* (pp. 435-438). IEEE.
9. Diener, E., Emmons, R. A., Larsen, R. J. and Griffin, S. (1985). The satisfaction with life scale. *Journal of Personality Assessment*, 49 (1), 71-75.
10. Snaith, R. P. (2003). The hospital anxiety and depression scale. *Health and quality of life outcomes*, 1(1), 1-4.
11. Yavuz, F., Ulusoy, S., Işkın, M., Esen, F. B., Burhan, H. S., Karadere, M. E. ve Yavuz, N. (2016). Turkish version of Acceptance and Action Questionnaire-II (AAQ-II): a reliability and validity

- analysis in clinical and non-clinical samples. *Klinik Psikofarmakoloji Bulteni*, 26(4), 329-444. DOI: 10.5455/bcp.20160223124107.
12. Monk TH, Flaherty JF, Frank E. The Social Rhythm Metric (SRM): an instrument to quantify the daily rhythms of life. *J Nerv Ment Dis* 1990; 178: 120-6.
 13. Özer, B. U., Saçkes, M., & Tuckman, B. W. (2013). Psychometric properties of the Tuckman Procrastination Scale in a Turkish sample. *Psychological Reports*, 113(3), 874-884. doi:10.2466/03.20.PRO.113x28z7.
 14. Stadtler, S., Betancourt, C., ve Roscher, R. (2022). Explainable Machine Learning Reveals Capabilities, Redundancy, and Limitations of a Geospatial Air Quality Benchmark Dataset. *Machine Learning and Knowledge Extraction*, 4(1), Art. 1. <https://doi.org/10.3390/make4010008>.
 15. Mayer M (2023). shapviz: SHAP Visualizations. R package version 0.8.0, URL <https://CRAN.R-project.org/package=shapviz>.

SB24

Meme Kanseri tanısında Makine Öğrenme Yöntemlerinin Sınıflama Performanslarının karşılaştırılması

Esra AKAYDIN GÜLTÜRK¹, Abdulvahap PINAR², Ahmet Kadir ARSLAN³

¹ Cumhuriyet Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik Anabilim Dalı, Sivas.

² İnönü Üniversitesi Tıp Fakültesi Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, Malatya.

³ İnönü Üniversitesi Tıp Fakültesi, Biyoistatistik ve Tıp Bilişimi Anabilim Dalı, Malatya.

Amaç: Makine öğrenmesi yöntemleri; sınıflama ve tanı yetenekleri ile sağlık alanındaki araştırmacılara hastalık teşhisinde destek sağlamaktadır. Özellikle kanser araştırmalarında son yıllarda kullanımı yaygınlaşmıştır. Bu çalışma için, meme kanseri teşhisinde makine öğrenme yöntemlerinin sınıflama performanslarını karşılaştırması amaçlanmıştır.

Yöntem: Veriler açık kaynaklı uci veri tabanından alınmıştır. Meme kanseri bulgularını içeren 569 gözlem ve 30 değişkenden oluşmaktadır. Değişken seçim yöntemlerinden Lasso Regresyon analiz ile 16 değişken göz ardı edilmiştir. Ayrıca veri setinde tespit edilen 59 gözlemde aşırı/aykırı değer olduğundan veri setinden çıkarılmıştır. Değişken seçim yönteminden sonra veri setinde 510 gözlem ve 14 değişken ile sınıflama yapılmıştır. 5-kat çapraz geçerlilik ve veriler %80 eğitim seti, %20 test seti olacak şekilde rastgele bölünerek beş farklı makine öğrenmesi modeli ile sınıflanarak test edilmiştir. Naive Bayes (NB), Lojistik Regresyon (Logistic Regression – LR, AdaBoost (Adaptif Boosting), XGBoost (eXtreme Gradient Boosting) ve Stochastic Gradient Boosting metotları ile gerçekleştirilen sınıflama metrikleri ile her bir tekniğin başarısı karşılaştırılmıştır.

Bulgular: Makine öğrenmede kullanılan yöntemlerin sınıflama sonuçlarına göre doğruluk, duyarlılık, seçicilik, pozitif tahmin değeri, negatif tahmin değeri ve F1 skor değerleri sırasıyla 99.0, 98.6, 97.1, 100,100, 98.5, 98.6 olarak elde edilmiştir.

Sonuç: Makine öğrenmesi sağlık alanında yaygın bir şekilde kullanılmakta, hastalıkların tanısında destekleyici bir rol oynamaktadır. Makine öğrenmesi sınıflama sonuçlarına göre lojistik regresyon %99.0 doğruluk oranı yönünden en yüksek performans ölçütü olmuştur.

Anahtar Kelimeler: Makine Öğrenmesi, Sınıflama, Meme Kanseri, Lojistik Regresyon

1. GİRİŞ

Günümüzde teknolojinin ilerlemesi ile bilgisayarlar insanlara kıyasla daha hızlı işlem yapabilmektedir ancak karar verme yetenekleri insanlara göre daha düşüktür. Bundan dolayı farklı makine öğrenmesi teknikleri geliştirilerek bilgisayarların daha iyi analizler yapıp hızlı kararlar verebilmeleri sağlanmıştır. Sınıflama yöntemleri, karar ağaçları, yapay sinir ağları gibi bu teknikler veriden anlam çıkartarak tahminleme yapmaktadır(1). Makine öğrenmesi yöntemleri; sınıflama ve tanı yetenekleri ile sağlık alanındaki araştırmacılara hastalık teşhisinde destek sağlamaktadır. Meme kanserinin teşhis ve tedavisindeki birçok bilimsel, teknolojik ve metodolojik ilerlemeye ve olumlu katkılara rağmen, dünyada ve Türkiye'de meme kanseri görülme sıklığının arttığı bilinmektedir. Meme kanseri, özellikle 40 ila 50 yaş arası kadınlarda sık görülen ve dünya çapında kadınlar arasında yüksek ölüm oranlarına neden olan bir hastalıktır (2).

Meme kanseri görülme sıklığı 2018 yılında tüm dünyada 18.1 milyon kanser vakası içerisinde %11.6 orana sahiptir(3). Diğer kanser türlerinde olduğu gibi meme kanserinin de erken teşhis ölüm oranını azaltması bakımından önemlidir (4). Meme kanseri tanısı ve test sonuçlarının yorumlanması ilgili alanlarda uzmanlık gerektirmektedir. Makine öğrenimi tekniklerinin geliştirilmesi ile kanser teşhisinde

başarılı sonuçlar elde edilmektedir. Makine öğrenimi yapay zekanın bir alt dalı olup içerisinde çeşitli istatistiksel, olasılık teknikleri ve optimizasyon tekniklerini barındıran; bilgisayarların mevcut verilerden öğrenerek karmaşık ve büyük veri setleri içerisindeki desenleri hızlı bir şekilde tespit etmesini sağlayan algoritmalar içermektedir. Bu yeteneğinden dolayı makine öğrenmesi kanser tanı ve teşhisinde de yaygın kullanım alanı bulmaktadır (5).

Bu çalışmada meme kanseri teşhisi için Naive Bayes (NB)”, “Lojistik Regresyon (Logistic Regression – LR)”, “AdaBoost (Adaptif Boosting)”, “XGBoost (eXtreme Gradient Boosting)” ve “Stokastik Gradyan Artırma (Stochastic Gradient Boosting)” yöntemlerinin sınıflama metriklerinin performanslarının karşılaştırılması amaçlanmıştır.

2. YÖNTEM

Bu çalışmada, açık kaynak kodlu olan veri seti <https://archive.ics.uci.edu/dataset/17/breast+cancer+wisconsin+diagnostic> adresinden alınmıştır. Elde edilen veri seti değişken seçim yöntemlerinden Lasso Regresyon analiz ile 16 değişken göz ardı edilmiştir. Ayrıca veri setinde tespit edilen 59 gözlemden aşırı/aykırı değer olduğu için veri setinden çıkarılmıştır. Değişken seçim yönteminden sonra veri setinde 510 gözlem ve 14 değişken ile sınıflama yapılmıştır. 5-kat çapraz geçerlilik ve veriler %80 eğitim seti, %20 test seti olacak şekilde rastgele bölünerek beş farklı makine öğrenmesi modeli ile sınıflanarak test edilmiştir Tüm analizlerde <https://biostatapps.inonu.edu.tr/BKSY/> yazılımı kullanılmıştır. Performans ölçütleri için doğruluk, duyarlılık, seçicilik, pozitif tahmin, negatif tahmin ve F1 skoruna bakılmıştır. Tüm performans ölçütlerinden doğruluk sınıflama oranına göre yöntemler karşılaştırılmıştır.

2.1. Performans Metrikleri

Test Durum	Gerçek Durum	
	Pozitif	Negatif
Pozitif	Doğru Pozitif (DP)	Yanlış Pozitif (YP)
Negatif	Yanlış Negatif (YN)	Doğru Negatif (DN)

Doğruluk: Gerçekte testin hasta ve sağlam olarak toplam doğru tanı oranına doğruluk oranı denir.

Duyarlılık: Gerçekte hasta olan bireyler içinde testin gerçek hastalığa sahip bireyleri bulabilme özelliği olarak tanımlanabilir.

Seçicilik: Gerçekte sağlıklı olan bireyler içinde testin sağlıklı bireyleri bulabilme özelliği olarak tanımlanabilir.

Pozitif Tahmin (PT): Testin hasta bireyler içinde gerçekten hasta olan bireylerin oranıdır.

Negatif Tahmin (NT): Testin sağlam bireyler içinde gerçekten sağlam olan bireylerin oranıdır.

F1 -Skoru: bir modelin doğruluğunu ölçen bir makine öğrenimi değerlendirme ölçümüdür. Doğruluk ölçüsü, bir modelin tüm veri kümesinde kaç kez doğru tahmin yaptığını hesaplar.

$$\text{Doğruluk} = \frac{DP+DN}{DP+DN+YP+YN} \quad (1)$$

$$\text{Duyarlılık} = \frac{DP}{DP+YN} \quad (2)$$

$$\text{Seçicilik} = \frac{DN}{YP+DN} \quad (3)$$

$$\text{Pozitif tahmin} = \frac{DP}{DP+YP} \quad (4)$$

$$\text{Negatif tahmin} = \frac{YN}{YN+DN} \quad (5)$$

$$\text{F1-Skor} = \frac{2 \times \text{PT} \times \text{Duyarlılık}}{\text{PT} + \text{Duyarlılık}} \quad (6)$$

2.2. Naive Bayes (NB)

Naive Bayes veri madenciliği alanında kullanıma sahip denetimli öğrenme sınıfında olan bir algoritmadır. Belirli bir özellik kümesinin belirli bir sınıfa ait olma olasılığını tahmin etmede kullanılır. Naive Bayes sınıflandırıcıları, Bayes Teoremine dayanan bir sınıflandırma algoritmasıdır (6).

Lojistik Regresyon (Logistic Regression – LR)

Lojistik regresyon modeli, bağımsız değişkenler aracılığı ile bir hastalığın ortaya çıkıp çıkmamasını belirleyen analizdir. Bu değişkenlerin tespiti, erken tanı ve hastalığa neden olan etkenlerle mücadelede önemli bir yer tutmaktadır (7).

2.3. AdaBoost (Adaptif Boosting)

AdaBoost, ayrıklık sorunu nedeniyle ortaya çıkan yanlış sınıflandırılmış örnekleri tanımlayabilen bir topluluk yaklaşımıdır. Ayrık sorun, bir dizi ayrı küçük grupta kümelenmiş bir sınıftaki örnekleri içeren veri kümelerinde belirgindir ve her grup, göz ardı edilemeyecek ve eğitilmesi gereken az sayıda örnek içerir. Sınıf dengesizliği klasik makine öğrenimi yöntemlerinde kapsamlı bir şekilde çalışılmış olmasına rağmen, derin öğrenme bağlamında daha az ilgi görmüştür (8).

2.4. XGBoost (eXtreme Gradient Boosting)

XGBoost hızlı bir uygulamaya sahiptir ve birçok sınıflama ve regresyon probleminde son teknoloji ürünü doğruluk sunar. XGBoost, hesaplama hızı ve doğruluk sınırlamalarının bir dereceye kadar üstesinden gelebilir, daha az eğitim ve tahmin süresi gerektirir ve sınıflama ve regresyon dahil olmak üzere çeşitli amaç işlevlerini destekler. XGBoost, stok tahmini, hastalık risk tahmini vb. alanlarda yaygın olarak uygulanmaya başlamış olup ve nispeten tatmin edici sonuçlar elde edilmektedir (9).

2.5. Stokastik Gradyan (Stochastic Gradient Boosting)

Stokastik gradyan artırma her yinelemede, veri kümesinin rastgele bir alt örneğinden bir ağaç oluşturulur ve modelde artan bir iyileştirme sağlanır. Eğitim verilerinin yalnızca bir kısmını kullanır (10). Stokastik gradyan artırmanın bir avantajı, tahmin değişkenlerini önceden seçmenin veya dönüştürmenin gerekli olmamasıdır (10).

3. BULGULAR

Kullanılan yöntemleri için elde edilen metriklerde doğruluk ölçüsü göz önüne alınmıştır.

Tablo 1: Yöntemler bakımında sınıflama performans ölçütlerine ait değerler

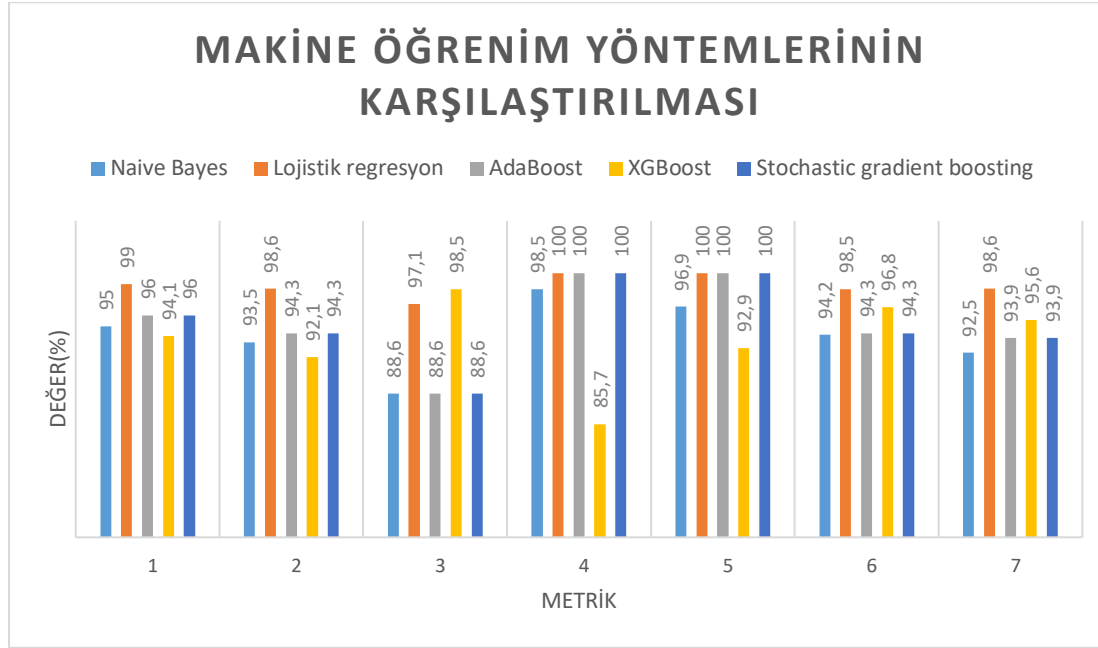
Metrikler	NB	LR	AdaBoost	XGBoost	Stochastic gradient boosting
Doğruluk	95.0	99.0	96.0	94.1	96.0
Duyarlılık	88.6	97.1	88.6	98.5	88.6
Seçicilik	98.5	100	100	85.7	100
Pozitif tahmin değeri	96.9	100	100	92.9	100
Negatif tahmin değeri	94.2	98.5	94.3	96.8	94.3
F1-skor	92.5	98.6	93.9	95.6	93.9

Makine öğrenme modellerinde NB yöntemi kullanılarak elde edilen performans ölçümleri duyarlılık, özgüllük, pozitif tahmin değeri, negatif tahmin değeri ve F1'dir. Doğruluk oranı %95.0 olarak elde edilmiştir. Diğer metrikler sırasıyla %88.6, %98.5, %96.9, %94.2 ve %92.5 gibi farklı değer düzeylerinde ölçülmüştür. LR yöntemi kullanılarak elde edilen performans ölçümleri doğruluk oranı %99.0 olarak elde edilmiştir. Diğer metrikler sırasıyla, %97,1, %100, %100, %98,5 ve %98.6 ölçülmüştür. AdaBoost yöntemi kullanılarak elde edilen performans ölçümleri. Tablo 1 incelendiğinde doğruluk oranı %96.0 olarak elde edilmiştir. Diğer metrikler sırasıyla, %88.6, %100, %100, %94.3 ve %93.9 düzeylerinde ölçülmüştür. XGBoost yöntemi kullanılarak elde edilen performans ölçümleri doğruluk oranı %94.1 olarak elde edilmiştir. Diğer metrikler sırasıyla, %98.5, %85.7, %92.9, %96.8 ve %98.6 olarak ölçülmüştür. Stochastic gradient boosting yöntemi kullanılarak elde edilen performans değeri,

doğruluk oranı %96.0 olarak elde edilmiştir. Diğer metrikler sırasıyla %88.6, %100, %100, %94.3 ve %93.9 olarak ölçülmüştür (Tablo 1).

4. SONUÇ

Çalışmada kullanılan yöntemler için elde edilen metriklerde doğruluk ölçüsü göz önüne alınarak model performansı değerlendirilmiştir. Buna göre lojistik regresyon analizi, kullanılan diğer yöntemlere göre sınıflama performansı yönünden en başarılı yöntem olduğu belirlenmiştir. Buna göre sınıflama sonuçlarına göre doğruluk, duyarlılık, seçicilik, pozitif tahmin değeri, negatif tahmin değeri ve F1 skor değerleri sırasıyla 99.0, 98.6, 97.1, 100,100, 98.5, 98.6 olarak elde edilmiştir.



KAYNAKLAR

1. Kolay N, Erdoğan P, Editors. The Classification Of Breast Cancer With Machine Learning Techniques. 2016 Electric Electronics, Computer Science, Biomedical Engineerings' Meeting (Ebbt); 2016: leee.
2. Jemal A, Siegel R, Xu J, Ward E. Cancer Statistics, 2010. Ca: A Cancer Journal For Clinicians. 2010;60(5):277-300.
3. Papageorgiou Ei, Subramanian J, Karmegam A, Papandrianos N. A Risk Management Model For Familial Breast Cancer: A New Application Using Fuzzy Cognitive Map Method. Computer Methods And Programs In Biomedicine. 2015;122(2):123-35.
4. Tapak L, Shirmohammadi-Khorram N, Amini P, Alafchi B, Hamidi O, Poorolajal J. Prediction Of Survival And Metastasis In Breast Cancer Patients Using Machine Learning Classifiers. Clinical Epidemiology And Global Health. 2019;7(3):293-9.
5. Cruz Ja, Wishart Ds. Applications Of Machine Learning In Cancer Prediction And Prognosis. Cancer Informatics. 2006;2:117693510600200030.
6. Aytuğ O. Twitter Mesajları Üzerinde Makine Öğrenmesi Yöntemlerine Dayalı Duygu Analizi. Yönetim Bilişim Sistemleri Dergisi. 2017;3(2):1-14.
7. Başer Bö, Yangin M, Sarıdaş Es. Makine Öğrenmesi Teknikleriyle Diyabet Hastalığının Sınıflandırılması. Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi. 2021;25(1):112-20.
8. Lee W, Jun C-H, Lee J-S. Instance Categorization By Support Vector Machines To Adjust Weights In Adaboost For Imbalanced Data Classification. Information Sciences. 2017;381:92-103.
9. Yıldırım E. Hizlandırılmış Makine Öğrenmesi Algoritmaları İle Türkçe Sahte Haber Tespiti 2022.
10. Friedman Jh. Stochastic Gradient Boosting. Computational Statistics & Data Analysis. 2002;38(4):367-78.

**KISA SÖZLÜ BİLDİRİLER
(POSTER)**

PB1

Tahmin Modeli Performans Ölçütlerinden Karar Eğrisi Analizi

Duygu Korkmaz Yalçın^{1,2}, İlker ÜNAL²

¹ Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Tıp Eğitimi ve Bilişimi AD., Van

² Çukurova Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik AD., Adana

Amaç: Karar eğrisi analizi, tanı testleri veya risk tahmin modellerinin sağlayacağı klinik faydayı hesaplayabilen bir performans ölçütüdür. Karar Eğrisi Analizi, belirlenen eşik olasılıklarda hesaplanan net fayda değerlerinin ilgili eşik olasılıklara karşı grafiğidir. Çalışmanın amacı birbirinden farklı sınıflandırma modellerinin karşılaştırılmasında geleneksel olarak kullanılan ROC eğrisi altında kalan alan değeri (AUC) yaklaşık 0.50 iken model seçim sürecine klinik fayda hesaplayarak katkı sağlayabilecek bir ilave ölçüt olan net fayda değerlerinin incelenmesidir.

Yöntem: AUC ve Net Fayda değerleri 5 farklı sınıflandırma modelinden elde edilmiştir. Bu modeller; Destek Vektör Makineleri (SVM), Karar Ağacı (DT), Lojistik Regresyon (LR) Naive Bayes (NB) ve Rastgele Orman (RF)'dir. Train-test oranı 0.7 ve 0.3 olarak alınmıştır. Materyal olarak ise kurulacak tahmin modellerinden, düşük AUC değeri elde edebilmek için R paket programında, 1000 gözlem içeren bir veri seti; yaş, cinsiyet, kan glukoz değeri, kolesterol, sigara, beden kitle indeksi ve hastalık olmak üzere 6 açıklayıcı 1 yanıt (hastalık) değişkeni aralarında ilişki kurulmadan oluşturulmuştur.

Bulgular: SVM, DT, LR, NB, RF modellerinden elde edilen AUC değerleri sırası ile 0.46, 0.5, 0.55, 0.54 ve 0.48 olarak hesaplanmıştır. Bu modellerde bazı eşik olasılıklarından (pt), örneğin pt:0.10 için, modellerden elde edilen net fayda değerleri ise sırası ile 0.21, 0.21, 0.21, 0.21, 0.20 olarak hesaplanırken pt:0.20 için sırası ile 0.11, 0.11, 0.11, 0.11 0.07, olarak hesaplanmıştır. pt:0.25 alındığında modellerden elde edilen net fayda değerleri sırası ile 0.05, 0.05, 0.03, 0.03, 0.03 olarak hesaplanırken pt:0.30 için sırası ile -0.01, 0.00, -0.01, -0.03 ve 0.00 olarak hesaplanmıştır.

Sonuç: Modellerden hesaplanan AUC'ler birbirinden farklı değerlere sahipken bazı eşik olasılıklarda net faydalar aynı değerlere sahiptir. SVM modeline ait AUC değeri 0.46 olup modeller arasında en düşük iken; 0.10, 0.20 ve 0.25 eşik olasılıklarında en yüksek hesaplanan net fayda değerleri ile aynı değeri almıştır. 0.21 olarak hesaplanan net fayda, modelin 100 hastadan 21'inin gerçek pozitif olduğunu doğru tespit etme gücü olarak yorumlanmaktadır. Tüm hastalar negatif iken net fayda 0 değerini almaktadır. Dolayısı ile tedavi veya müdahale var ise modelden elde edilecek net faydanın 0'dan büyük olması beklenmektedir. Belirlenen eşik olasılıkta modelden elde edilen fayda 0 veya 0'ın altında ise tedavi/müdahale klinik olarak faydasızdır yorumu yapılabilir. Sonuç olarak, model performansının klinik sonuçları kapsamı bakımından başlangıçta belirlenen eşik olasılıkta hangi modelin daha fazla net fayda sağladığı tespit edilebilir ve yüksek net faydaya sahip olan model seçilebilir.

Anahtar Kelimeler: Eşik olasılık, Karar Eğrisi Analizi, Net fayda, Tahmin Modelleri

PB2

Karar Eğrisi Analizi Üzerine Bibliyometrik Bir Analiz

Duygu Korkmaz YALÇIN^{1,2}, İlker ÜNAL²

¹Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Tıp Eğitimi ve Bilişimi AD., Van

²Çukurova Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik AD., Adana

Amaç: Karar eğrisi analizi (DCA) 2006 yılında Andrew J Vickers tarafından tanıtılan, tanı testleri ve risk tahmin modellerinin performans ölçütü olarak kullanılabilen, eşik olasılık ile ağırlıklandırılmış yanlış pozitiflerin doğru pozitiflerden çıkarılması ile elde edilen net fayda hesabına dayalı bir metriktir. Son yıllarda eğri altında kalan alan, duyarlılık, seçicilik, doğruluk gibi ölçütlerin yanında klinik faydayı kapsaması bakımından DCA'nın kullanımı yaygınlaşmıştır. Bu çalışmada karar eğrisi analizi ile ilgili yapılan çalışmalar hakkında genel bir istatistik verilmesi amaçlanmıştır.

Yöntem: Çalışmada Web of Science (WOS) veri tabanında "Decision Curve Analysis" anahtar kelimesi kullanılarak taranacak kısım "topic" çalışma türü "makaleler" dil "İngilizce" yıl ise 2006 dan günümüze yapılan araştırmalar dahil edilmiştir. 4702 adet makale, VOSviewer programına bibliyometrik analizde kullanılmak üzere aktarılmıştır. İncelenen özellikler; konuyla alakalı yıllara ve alanlara göre makale sayıları, yazar atıf analizi, ülke atıf analizi ve anahtar sözcük analizidir.

Bulgular: 2006 yılında konu ile ilgili 1makale mevcut iken 2010'da 8, 2015'de 49, 2021'de 923, 2022'de 1406 ve 2023 Ekim'de 1207 adet makale bulunmuştur. Alan bazında 1362 adet makale ile Onkoloji ilk sırada iken bunu 479 adet makale Radyoloji ve 364 adet makale ile Üroloji takip etmektedir. Ülkelerden Çin 3805 adet makale ile ilk sırada yer alırken, ABD 463 adet makale ile ikinci, İtalya ise 183 adet makale ile üçüncü olup Türkiye'ye ait 15 makale olduğu tespit edilmiştir. Yazar (konu ile ilgili en az 5 çalışması olan) atıf analizinde ilk 3 sırada; 13 makale 4393 atıf ile Vickers A, ikinci sırada 22 makale 3100 atıf ile Tian J, üçüncü sırada ise 16 makale 1709 atıf ile Chen X yer almaktadır. İkinci ve üçüncü sıradaki yazarlara ait makalelerde nomogram testi geliştirilmiştir. 6. Sırada yer alan Steyerberg EW, 13 makale 1288 atıf ile konunun teorik yanlarını ele almıştır. Ülke atıf analizinde ilk 3 sırada; 3805 makale 21827 atıf ile Çin, 463 makale 14596 atıf ile ABD ve 712 makale ve 3712 atıf ile İngiltere yer almaktadır. Anahtar sözcük analizinde ilk 3 sırada; 1836 kez kullanılan "nomogram", 571 kez kullanılan "prognosis" ve 543 kez kullanılan "radiomics" ifadeleri yer alırken; 4. sırada 315 kez kullanılan "machine learning" ve 5. sırada 312 kez kullanılan "prediction model" ifadeleri yer almaktadır.

Sonuç: En sık kullanılan anahtar kelimenin "nomogram" ve en çok atıf alan 2. ve 3. sıradaki yazarların da nomogram geliştirdiği göz önüne alındığında DCA'nın yakın zamanda özellikle de tanı testleri performans ölçütü olarak geleneksel metrikler arasında yer alabileceği yorumu yapılabilir.

Anahtar Kelimeler: Bibliyometri, Karar Eğrisi Analizi, Net fayda, Nomogram