



T.C.
ÜSKÜDAR ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI
BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ YÜKSEK LİSANS PROGRAMI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

YAPAY ZEKÂ DESTEKLİ TEŞHİS VE TANIDA DOKTORA
YARDIMCI KAN ANALİZ YAZILIMI

Savaş NEHRİ

Tez Danışmanı
Prof. Dr. Serhat ÖZEKES

İSTANBUL-2023

T.C.
ÜSKÜDAR ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI
BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ YÜKSEK LİSANS PROGRAMI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

YAPAY ZEKÂ DESTEKLİ TEŞHİS VE TANIDA DOKTORA
YARDIMCI KAN ANALİZ YAZILIMI

Savaş NEHRİ

Tez Danışmanı
Prof. Dr. Serhat ÖZEKES

İSTANBUL-2023

ÖZET

YAPAY ZEKÂ DESTEKLİ TEŞHİS VE TANIDA DOKTORA YARDIMCI KAN ANALİZİ YAZILIMI

Son yıllarda yapay zekâdaki ilerlemeler, tıp alanında önemli dönüşümlere yol açmaktadır. Yapay zekâ destekli sistemler, tıbbi teşhis, hastalıkların erken tespiti, tedavi planlaması ve hastane yönetimi gibi alanlarda kullanılmaktadır. Bu nedenle, yapay zekâ destekli kan analiz yazılımları önemli bir araç haline gelmiştir. Bu tezin amacı, hastane kan testi sonuçlarını yapay zekâ destekli NEVASOFT yazılımı kullanarak analiz etmek ve doktorlara kolay erişim ve kullanım kolaylığı sağlamaktır. Tez kapsamında, tam kan sayım cihazından elde edilen verileri grafiklendirmekte, mikroskop altında hücreler sınıflandırılmakta ve flowsitometri cihazından gelen veriler analiz edilmektedir. Bu çalışma, Python programlama dili PyTorch modülü kullanılarak başarılı bir şekilde gerçekleştirilen yapay zekâ tabanlı bir nesne tanıma algoritmasıyla, altı farklı kategoriye ait kan örneklerinin %92 oranında doğru bir şekilde sınıflandırıldığını göstermiştir. PyTorch'un kan analizi yazılımına entegrasyonu, teşhis sürecinin verimliliğini ve doğruluğunu önemli ölçüde artırmıştır. Bu tez, yapay zekâ destekli kan analiz yazılımlarının tıp alanında önemli bir rol oynadığını vurgulayacak ve doktorların hastaların durumunu daha hızlı ve doğru bir şekilde değerlendirmelerine yardımcı olacaktır. Bu çalışmanın bulguları, yapay zekâ teknolojisinin tıp alanında kullanımına yönelik daha fazla araştırmanın yapılmasına katkı sağlayacaktır. Bu çalışma, tıp alanında yapay zekâ teknolojilerinin kullanımına örnek teşkil etmektedir. Yapay zekâ algoritmaları, kan analizi sonuçlarının incelenmesinde kullanılmış ve doktorlara test sonuçlarını daha hızlı ve doğru bir şekilde yorumlama imkânı sağlamıştır. Ayrıca, hücrelerin sınıflandırılması aşamasında da yapay zekâ algoritmalarından faydalanılmış ve mikroskop altında hücre görüntülerinin daha hızlı ve doğru bir şekilde sınıflandırılması sağlanmıştır. Yapay zekâ teknolojilerinin tıp alanında kullanımı artmaya devam ederken, bu çalışma benzer araştırmalar için model teşkil edebilir. Ayrıca kan tahlili sonuçlarının hızlı ve doğru yorumlanmasında yapay zekâ algoritmalarının kullanılmasının önemi vurgulanmıştır.

Not: Metinde adı geçen yapay zekâ destekli yazılımın "NEVASOFT" adı olduğu varsayılmıştır.

Anahtar Kelimeler: Yapay zekâ, Kan analizi, Teşhis yazılımı, PyTorch, Nesne tanıma



ABSTRACT

ARTIFICIAL INTELLIGENCE-SUPPORTED DIAGNOSTIC AND ASSISTANT BLOOD ANALYSIS SOFTWARE FOR DOCTORS

In recent years, advancements in artificial intelligence have led to significant transformations in the field of medicine. Artificial intelligence-supported systems are being used in medical diagnosis, early detection of diseases, treatment planning, and hospital management. Consequently, artificial intelligence-supported blood analysis software has become an important tool. The aim of this thesis is to analyze hospital blood test results using an artificial intelligence-supported NEVASOFT software and provide easy access and convenience to doctors. Within the scope of the thesis, the data obtained from a complete blood count device is graphed, cells are classified under a microscope, and data from a flow cytometry device is analyzed. Additionally, the opinions of doctors are collected through surveys, and the results are examined within the thesis. This study successfully implemented an artificial intelligence-based object recognition algorithm using Python programming PyTorch module, achieving a 92% accuracy rate in classifying blood samples into six categories. The integration of PyTorch into the blood analysis software significantly enhanced the efficiency and accuracy of the diagnostic process. This thesis will emphasize the significant role of artificial intelligence-supported blood analysis software in the field of medicine and its assistance in enabling doctors to evaluate the conditions of patients more quickly and accurately. The findings of this study will contribute to further research on the use of artificial intelligence technology in the medical field. This study serves as an example of the use of artificial intelligence technologies in the field of medicine. Artificial intelligence algorithms were utilized in the examination of blood analysis results, enabling doctors to interpret test results more rapidly and accurately. Moreover, artificial intelligence algorithms were employed in the classification of cells, resulting in faster and more precise categorization of cell images under a microscope. Furthermore, data obtained from patient surveys were analyzed and incorporated into the results. As the use of artificial intelligence technologies in the field of medicine continues to increase, this study can serve as a model for similar research endeavors. Additionally, the importance of using artificial intelligence algorithms in the rapid and accurate interpretation of blood analysis results has been underscored.

Note: "NEVASOFT" is assumed to be the name of the artificial intelligence-supported software mentioned in the text.

Keywords: Artificial intelligence, Blood analysis, Diagnostic software, PyTorch, Object recognition.



TEŞEKKÜR

Sayın Prof. Dr. Serhat ÖZEKES,

Bu tez çalışması boyunca sağladığınız değerli rehberlik, desteğiniz ve yol göstericiliğiniz için derin bir minnettarlık duyuyorum. Profesyonel bilgi ve deneyimlerinizi paylaşarak tezimin gelişimine katkıda bulunduğunuz için size içten teşekkürlerimi sunarım.

Ayrıca, Erciyes Üniversitesi Hematoloji Hastanesi'nde görev yapan doktorumuz Prof. Dr. Ali ÜNAL gibi tez çalışması sürecinde yardımcı olan değerli kişilere de teşekkür etmek istiyorum. Sizlerin bilgi birikimi, önerileri ve desteği, çalışmamın daha kapsamlı ve sağlam bir temel üzerine inşa edilmesine yardımcı oldu.

Son olarak, aileme, çalışmada yardımcı olan NEVASOFT ekip arkadaşlarıma Salih YALÇIN, Fadime DEMİR, YAĞIZ ALP YILMAZ ve sevdiklerime sonsuz destekleri ve anlayışları için teşekkür etmek istiyorum. Sizlerin motivasyonu ve inancı sayesinde bu tez çalışmasını tamamlamak için güç buldum.

Hepinize en içten duygularıyla teşekkür ederim. Sizin desteğiniz olmasaydı, bu tez çalışması gerçekleştirilmezdi. Sizlerin katkıları, bu çalışmanın değerini artırdı ve beni kişisel ve akademik olarak geliştirdi.

Saygılarımla,

Savaş NEHRİ

BEYAN FORMU

Bu alıřmadaki btn bilgi ve belgeleri akademik kurallar erevesinde elde ettiđimi, grsel, iřitsel ve yazılı tm bilgi ve sonuları bilimsel ahlak kurallarına uygun olarak sunduđumu, kullandıđım verilerde herhangi bir tahrifat yapmadıđımı, yararlandıđım kaynaklara bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunduđumu, tezimin kaynak gsterilen durumlar dıřında zgn olduđunu, tarafımdan retildiđini ve skdar niversitesi Sađlık Bilimleri Enstits Tez Yazım Kılavuzuna gre yazıldıđını beyan ederim



04.06.2023

SAVAř NEHRİ

İmzası

İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT.....	iii
TEŞEKKÜR	v
BEYAN FORMU	vi
İÇİNDEKİLER	vii
TABLolar DİZİNİ.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	x
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	xi
1. GİRİŞ	1
1.1. Tezin Konusu Ve Amacı.....	1
1.2. Tezin Yapısı	2
2. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI	3
2.1. Kan Analizi Ve Tanı	3
2.2. Ticari Çalışmaların İncelenmesi	7
2.3. Yapay Zekâ Ve Tıp.....	11
3. GEREÇ VE YÖNTEM.....	14
3.1. Hastalıklar	14
3.2. Veri Toplama	15
3.3. Modül 1: Kan Tahlil Sonuçları	16
3.4. Modül 2: Hücresel Morfoloji Analizi	18
3.5. Modül 3: Flow sitometri	22
4. BULGULAR.....	24
5.TARTIŞMA.....	29
6. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	30
KAYNAKLAR	35

EKLER	37
Ek 1. Özgeçmiş	37



TABLÖLAR DİZİNİ

Sayfa

Tablo 1: Nesne tanıma sınıflarının doğruluk oranları tablosu	32
---	----



ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa</u>
Şekil 1: Bulaşıcı hastalıklı ve lökosit oranları.....	14
Şekil 2: Örnek bir hastanın sayısal biyokimya tetkikleri	17
Şekil 3: Örnek bir hastanın sayısal hemogram tetkikleri	18
Şekil 4: Bir hastanın hücresel morfolojik görüntüsü (10x oranında küçültülmüştür)....	19
Şekil 5: Bir hastanın hücresel granül yapısındaki farklılıklar (100x oranında küçültülmüştür).....	20
Şekil 6: Verilerin etiketlenmesi.....	21
Şekil 7: Eğitim modelinin özeti.....	22
Şekil 8: Flow sitometri grafikleri	23
Şekil 9: Kan tahlil sonuçlarının arayüzde görselleştirilmesi	24
Şekil 10: Hasta listesi arayüzü.....	25
Şekil 11: Validasyon sonuçları-1	26
Şekil 12: Validasyon sonuçları-2	26
Şekil 13: Arayüz ile hücre morfoloji sonuçlarının gösterilmesi.....	27
Şekil 14: Arayüz ile flow sitometri grafiğinin gösterilmesi	28
Şekil 15: Nevasoft yazılımının 3 modüldeki faydalarının gösterilmesi	28
Şekil 16: Nesne tanıma sınıflarının Consifusion matrix sonuçları.....	30
Şekil 17: F1 skor sonuçları.....	31
Şekil 18: PR skor sonuçları	32

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

ERÜ : Erciyes Üniversitesi

YZ : Yapay Zeka

HBYS : Hastane Bilgi Yönetim Sistemi



1. GİRİŞ

Son yıllarda yapay zekâ alanındaki gelişmeler, tıp alanında da önemli dönüşümlere yol açmaktadır. Yapay zekâ destekli sistemler, tıbbi teşhis ve tanıda, hastalıkların erken teşhisinde, tedavi planlamasında ve hastane yönetiminde kullanılmaktadır. Bu nedenle, yapay zekâ destekli kan analiz yazılımı da önemli bir araç haline gelmiştir.

Bu tezin amacı, hastanedeki kan tahlil sonuçlarını yapay zekâ destekli bir NEVASOFT yazılımını kullanarak analiz etmek ve doktorlara kolayca tanıya erişim ve süreçte kolaylık sağlamaktır. Tez kapsamında, tam kan sayım cihazından elde edilen verilerin grafiğe dökülmesi, mikroskop altında hücrelerin sınıflandırılması ve flowsitometri cihazından gelen verilerin analizi yapılmaktadır.

Bu tez, yapay zekâ destekli kan analiz yazılımlarının tıp alanında önemli bir yere sahip olduğunu vurgulayacak ve doktorların hastaların durumunu daha hızlı ve doğru bir şekilde değerlendirmelerine yardımcı olacaktır. Bu çalışmanın sonuçları, yapay zekâ teknolojisinin tıp alanında kullanımına yönelik daha fazla araştırmanın yapılmasına da katkı sağlayacaktır.

Bu çalışma, yapay zekâ teknolojilerinin tıp alanındaki kullanımına örnek bir çalışmadır. Kan analizi sonuçlarının incelenmesinde yapay zekâ algoritmaları olan Pytorch Yolov5 kullanılmıştır. Bu sayede, doktorların tahlil sonuçlarını daha hızlı ve doğru bir şekilde yorumlamaları mümkün olmuştur. Ayrıca, hücrelerin sınıflandırılması aşamasında da yapay zekâ algoritmalarından yararlanılmıştır. Bu sayede, mikroskop altındaki hücre görüntüleri daha hızlı ve doğru bir şekilde sınıflandırılmıştır.

Bu çalışma, tıp alanında yapay zekâ teknolojilerinin kullanımının artması ile, benzer çalışmalara örnek teşkil edebilir. Ayrıca, kan analizi sonuçlarının hızlı ve doğru bir şekilde yorumlanmasında yapay zekâ algoritmalarının kullanımının önemi vurgulanmıştır.

1.1. Tezin Konusu Ve Amacı

Tez konusu, yapay zekâ destekli kan analiz yazılımının kullanımıdır. Bu yazılım, hastanedeki kan tahlil sonuçlarının analiz edilmesine ve doktorların daha hızlı ve doğru bir şekilde hastaların durumunu değerlendirmelerine olanak tanır. Tezin amacı, bu

yazılımın kullanımının tıp alanında önemine vurgu yaparak, doktorların hastaların durumunu daha hızlı ve doğru bir şekilde değerlendirmelerine yardımcı olmaktadır.

1.2. Tezin Yapısı

Tez, beş bölümden oluşmaktadır. İlk bölümde, giriş kısmı yer alır ve tezin konusu ve amacı belirtilir. İkinci bölümde, literatür araştırması yapılır ve yapay zekâ destekli kan analiz yazılımlarının tıp alanında kullanımı hakkında bilgi verilir. Üçüncü bölümde, kan analiz yazılımının geliştirilmesi ve uygulanması açıklanır. Dördüncü bölümde, yapılan deneylerin sonuçları sunulur. Son bölümde ise, sonuçlar değerlendirilir ve gelecekte yapılacak çalışmalar önerilir.



2. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI

2.1. Kan Analizi Ve Tanı

Bu araştırma çalışması, veri madenciliği tekniklerini kullanarak hemogram kan testi veri setinden hastalıkları tahmin etmeye odaklanmaktadır. Bu çalışmada, Fuzzy C-means ve K-means kümeleme algoritmaları ile birlikte weight based k-means algoritması adı verilen yeni bir kümeleme algoritması geliştirilmiştir. Bu algoritmaların performansları kümeleme doğruluğu, hata oranı ve yürütme süresi kullanılarak değerlendirilmiştir. Sonuçların incelenmesinden, önerilen weight based k-means algoritmasının diğer algoritmalarından daha iyi performans gösterdiği bilinmektedir (Mohan, 2015).

Yıllar geçtikçe, hastalar ve tıbbi bilgiler hakkındaki veri miktarı önemli ölçüde artmıştır. Ayrıca, kan hastalığına sahip hastaların sayısındaki artış nedeniyle, düşük maliyetli ve yanlış teşhis sonuçlarına yol açan geleneksel tanı testleri tıbbi patologlar tarafından kullanılmaktadır. Hematolojik verilerden optimal hastalık desenlerini tanımak için, tıbbi profesyoneller için güvenilir bir tahmin yöntemi gerekmektedir. Veri madenciliği yaklaşımları, kullanıcılara verileri farklı boyutlardan inceleme, gruplama ve belirlenen ilişkileri özetleme imkânı sağlar. Sınıflandırma, kapsamlı uygulamalara sahip önemli bir veri madenciliği tekniğidir. Sınıflandırma algoritmaları, bir veri setindeki her öğeyi bilinen bir dizi sınıfa kategorize etmek için kullanılır. Bu makalenin amacı, Waikato Çevreleri ile Bilgi Analizi kullanarak farklı sınıflandırma algoritmalarını karşılaştırmak ve hematolojik veriler üzerinde etkili bir algoritmayı bulmaktır. En etkili algoritma, doğruluk oranı %96,47 olan Random Forest algoritmasıdır ve modelin oluşturulması için gereken toplam süre 0,16 saniyedir, bu da farklı mevcut çalışmalardan daha verimlidir. Bununla birlikte, Multilayer Perceptron sınıflandırıcısı, %75,29'luk en düşük doğruluk oranına ve modelin oluşturulması için 1.92 saniyeye sahiptir (Akter ve ark., 2018).

Hızlı ve doğru tıbbi teşhisler, hastalıkların başarılı bir şekilde tedavi edilmesi için hayati öneme sahiptir. Makine öğrenimi algoritmaları kullanarak ve laboratuvar kan testi sonuçlarına dayanarak hematolojik bir hastalığı tahmin etmek için iki model oluşturduk. Bir tahmin modeli tüm mevcut kan testi parametrelerini kullanırken, diğer model yalnızca genellikle hasta kabulünde ölçülen azaltılmış bir seti kullandı. Her iki model de iyi

sonular elde etti ve beř en olası hastalık listesini dikkate aldıėında tahmin doėrulukları sırasıyla 0.88 ve 0.86, yalnızca en olası hastalıėı dikkate aldıėında ise 0.59 ve 0.57 idi. Modeller nemli lde farklılık gstermedi, bu da azaltılmıř bir parametre setinin hastalıėın ilgili bir "parmak izi" olabileceėini gstermektedir. Bu bilgi, genel pratisyenler tarafından kullanılması iin modelin kullanıřlılıėını geniřletir ve kan testi sonularının genellikle hekimler tarafından tanınandan daha fazla bilgi ierdiėini gsterir. Klinik bir test, tahmin modellerimizin hematoloji uzmanlarının doėruluk seviyesine denk olduėunu gsterdi. alıřmamız, yalnızca kan testlerine dayanan bir makine ėrenimi tahmin modelinin bařarılı bir řekilde hematolojik hastalıkları tahmin etmek iin uygulanabileceėini gsteren ilk alıřmadır. Bu sonu, tıbbi teřhis iin benzersiz olanaklar sunabilir (Guncar ve ark., 2018).

Beyaz kan hcreleri, bir bireyin saėlık durumunu gzlemlemekte nemli bir rol oynar. Kan hastalıėı ile ilgili grř, bir hastanın kan rneėinin tanımlanması ve karakterizasyonunu ierir. Son yaklařımlar, grnt ieriėinin anlayıřını zenginleřtirmek iin Evriřimsel Sinir Aėı (CNN), Tekrarlayan Sinir Aėı (RNN) ve CNN ve RNN modellerinin birleřimi kullanmaktadır. Tıbbi grnt analizinde byk veri eėitimi, rnek grntlerden nemli zellikleri keřfetmemizi saėlamıřtır. Kan hcresi sınıflandırması iin kan rneėinden tek hcre yaması ıkarma teknikleri iyi bir performans saėlamıřtır. Bununla birlikte, bu yaklařımlar birden fazla hcrenin st ste gelmesi sorunlarını zememektedir. Bu sorunu zmek iin bu makalede Kanonik Korelasyon Analizi (CCA) yntemi kullanılmaktadır. CCA yntemi, st ste binen ekirdeklerin etkilerine bakar, birden fazla ekirdek yaması aynı anda ıkarılır, ėrenilir ve eėitilir. Kan hcre grntlerinin st ste binmesi nedeniyle sınıflandırma sresi azalır, giriř grntlerinin boyutu sıkıřtırılır ve aė daha hızlı ve daha doėru aėrılık parametreleriyle yakınsar. Kamuya aık olarak kullanılabilen veritabanı kullanılarak deneysel sonular deėerlendirildiėinde, nerilen CNN ve RNN birleřik modelin kanonik korelasyon analizi ile diėer nc kan hcresi sınıflandırma tekniklerine gre daha yksek doėruluk saėladıėı grlmřtr (Patil ve ark., 2021).

Kan analizi, birok hastalık iin nemli bir gstergedir; belirli kan hastalıklarının bir iřareti olan eřitli parametreleri ierir. Kan analizine gre hastalıėı tahmin etmek iin, hastalıėı kesin olarak tanımlayan desenlerin tanınması gerekmektedir. Makine ėrenimi, nceki verilere dayalı olarak ıktıyı tahmin etmek iin modellerin oluřturulmasından

sorumlu alandır. Makine öğrenimi algoritmalarının doğruluğu, öğrenme süreci için toplanan verilerin kalitesine dayanır; bu araştırma, 668 kayıt içeren yeni bir örnek veri seti sunmaktadır. Veri seti, güvenilir kaynaklardan uzman hekimler tarafından toplanmış ve doğrulanmıştır. Çeşitli klasik makine öğrenimi algoritmaları test edilmiş ve umut verici sonuçlar elde edilmiştir (Alsheref ve ark., 2019).

Bu çalışmada, kantitatif faz görüntüleme (QPI) ve makine öğrenimi kullanarak hızlı ve etiketsiz bir yöntem ile hematolojik hastalıkların taraması için bir yöntem sunuyoruz. Amacımız, tek hücreleri profilendiremeyen veya etiketleme prosedürleri gerektiren geleneksel kan analizlerinin dezavantajlarından muzdarip olmayan verimli bir kan muayene çerçevesi oluşturmaktır. Yöntemimiz, QPI ve makine öğreniminin sinerjistik kullanımını içermektedir. Tek tek kırmızı kan hücrelerinin QPI temelli profillemesinden elde edilen yüksek boyutlu kırılma indisi bilgisi, yüksek boyutlu verileri insan seviyesinin ötesinde kullanabilen makine öğrenimi kullanılarak hastalıkların ve sendromların taranması için işlenmektedir. Önerilen yöntem kullanılarak demir eksikliği anemisi, retikülositoz, kalıtsal sferositoz ve diabetes mellitus için (%98'den yüksek doğruluk) doğru tarama yapılmaktadır. Ayrıca, önerilen yöntemde QPI ve makine öğrenimi arasındaki sinerjiyi vurgulayarak yöntemin performansı analiz edilmektedir (Kim ve ark. 2018).

Bu çalışmada, yazarlar mikroskopik görüntüler temelinde otomatik kan yayması analizi için bir karar destek sistemi önermektedir. Görüntüler önceden işlenerek alakasız öğeler kaldırılıp iyileştirilir. En önemli bileşenler, sağlıklı kan hücreleri (eritrositler) ve patolojik olanlar (ekinositler) arasında ayrım yapılır. Bu ayrılan kan hücreleri, özyüzler yöntemiyle en önemli özelliklerine göre analiz edilir. Bu özellikler, sinir ağı sınıflandırıcısıyla eritrositleri ve ekinositleri ayırt etmeyi öğrenmek için temel oluşturur. Sonuç olarak, önerilen sistem otomatik olarak kan yayma görüntülerini tam olarak analiz edebilir ve hem sağlıklı hem de patolojik kırmızı kan hücrelerinin sayısal ve istatistiksel bilgilerini sunabilir. Sistem, köpek ve insan kanını içeren iki vaka çalışması üzerinde incelenmiş ve deneyimli tıp uzmanlarından geribildirim alınmıştır. Kırmızı kan hücrelerinin sınıflandırılması doğruluğu eritrositler ve ekinositler için %96'ya ulaşmaktadır (Grochowski ve ark., 2019).

Geleneksel olarak, bir tam kan sayımı testi, genel sağlık durumunu değerlendirmek için önemli bir testtir. Kan hücreleri, geleneksel olarak hemasitometre ve diğer

laboratuvar ekipmanları ve kimyasal bileşikler kullanılarak manuel olarak sayılır, bu da zaman alıcı ve sıkıcı bir işlemdir. Bu çalışmada, yazarlar, 'you only look once' (YOLO) nesne tespit ve sınıflandırma algoritması kullanarak üç tür kan hücresinin otomatik tanımlanması ve sayılması için bir makine öğrenimi yaklaşımını sunmaktadır. YOLO çerçevesi, kan yayması görüntülerinin BCCD veri kümesi üzerinde eğitilmiş ve kırmızı kan hücreleri, beyaz kan hücreleri ve trombositleri otomatik olarak tanımlamak ve saymak için kullanılmıştır. Ayrıca, bu çalışmada, diğer evrişimli sinir ağı mimarileri dikkate alınarak mimari karmaşıklığı, rapor edilen doğruluk ve çalışma süresi açısından bu çerçeve ile modellerin doğruluğu karşılaştırılmıştır. Eğitilmiş model ayrıca farklı bir veri kümesindeki yayma görüntülerinde test edilmiş ve öğrenilen modellerin genelleştirilebilir olduğu bulunmuştur. Genel olarak, tespit ve sayım konusunda bilgisayar destekli sistem, yayma görüntülerinden kan hücrelerini bir saniyeden daha kısa sürede saymamızı sağlar, bu da pratik uygulamalar için faydalıdır (Alam ve ark., 2019).

Kan ve bileşenleri insan hayatında önemli bir yere sahiptir ve birçok patolojik durumun belirlenmesinde en iyi gösterge aracıdır. Özellikle beyaz kan hücrelerinin sınıflandırılması, hematolojik hastalıkların teşhisi için büyük önem taşır. Bu çalışmada, 350 mikroskopik kan yayması görüntüsü, beyaz kan hücrelerinin sınıflandırması için 6 farklı makine öğrenme algoritmasıyla test edilmiş ve performansları karşılaştırılmıştır. Makine öğrenme algoritmalarının eğitim ve test parametreleri için kan görüntülerinden 35 farklı geometrik ve istatistiksel (doku) özellik çıkarılmıştır. Sonuçlara göre, Çoknomial Lojistik Regresyon (MLR) algoritması diğer yöntemlere göre %95'lik bir ortalama test başarısıyla daha iyi performans göstermiştir. MLR, beyaz kan hücrelerinin otomatik sınıflandırılması için kullanılabilir. Özellikle hematologlar ve iç hastalıkları uzmanları için hastalıkların teşhisi için bir kaynak olarak kullanılabilir (Elen ve ark., 2019).

Biyomühendislik, genel sağlık uygulamaları için biyoloji ve tıbbi mühendislik prensiplerini, tekniklerini ve teknolojilerini uygulama sanatıdır. Kan gibi insan biyolojik örneklerinin analizi, doktorların hastalıkları teşhis etmesi ve hastalık gelişimini takip etmesi için önemli hale gelmiştir. Laboratuvarlarda kullanılan geleneksel kan hücreleri sayma teknikleri zaman alıcı ve zahmetlidir. Bu karmaşık süreçte insan müdahalesi nedeniyle yanlış sonuçlara yol açabilirler. Bu makalede, konvolüsyonel sinir ağı (CNN), örnek segmentasyonu, transfer öğrenme ve mask R-CNN tekniklerini kullanarak

otomatik kan hücreleri sayma çerçevesi önerilmektedir. Mikroskopik kan yayması görüntülerinden kırmızı ve beyaz kan hücreleri tanımlanır, sınıflandırılır ve sayılır. Elde edilen sonuçlar, farklı kan hücrelerinin yüksek oranda tespit edildiğini ortaya koymaktadır. Ayrıca, diğer mevcut tekniklerin aksine, önerilen yöntemimiz üst üste binmiş ve solmuş hücreleri tanımlama yeteneğine sahiptir (Dhieib ve ark., 2019).

Çalışma, Shonit adlı yeni bir otomatik periferik kan yayması analiz sistemi sunmaktadır. Bu sistem, bir kan örneğinin mikroskopik görüntülerini yakalamak için otomatik bir mikroskop ve görüntülerin analizi için bir yazılım bileşeninden oluşmaktadır. Yazılım bileşeni, periferik kan yayması görüntülerini analiz etmek için derin öğrenme modelleri kümesini kullanmaktadır ve üç temel kan hücresi türünün (kırmızı kan hücreleri, beyaz kan hücreleri ve trombositler) ve alt tiplerinin lokalizasyonu ve sınıflandırılması için kullanılır. Birçok farklı kan örneği üzerinde yapılan sınıflandırma ve segmentasyon sonuçlarını sunuyoruz. Ortak hücre tiplerinin tanımlanması için özgüllük ve duyarlılık sırasıyla %98 ve %91'in üzerindedir. Shonit'in diğer otomatik kan yayması analiz sistemlerine göre temel avantajı, kan yaymalarındaki kalite farklılıklarına karşı sağlamlığı ve görüntü yakalama cihazının düşük maliyetidir (Mundhra ve ark., 2017).

Manuel sürecin karmaşıklığı nedeniyle beyaz kan hücrelerinin (BKH) analizi için bilgisayar destekli yöntemler yaygın olarak kullanılmaktadır. Son çalışmalar, mikroskopik kan görüntülerinden beyaz kan hücrelerinin yüksek doğrulukla segmentasyonunu ve tespitini göstermiştir. Bununla birlikte, gözlenen hücrelerin sınıflandırılması hala bir zorluk olarak karşımıza çıkmakta ve beş tipin dağılımı bağışıklık sisteminin durumunu yansıttığından büyük talep görmektedir. Bu çalışma, BKH sınıflandırması için bir CNN tabanlı yöntem olan W-Net'i önermektedir. W-Net, The Catholic University of Korea'dan elde edilen 6.562 gerçek görüntüden oluşan gerçek dünya ölçekli bir veri kümesi üzerinde değerlendirilmiştir. W-Net, ortalama %97 doğruluk elde etmektedir (Jung ve ark., 2019).

2.2. Ticari Çalışmaların İncelenmesi

XN serisi otomatik hematoloji analizörü, vücut sıvısı (BF) moduyla serebrospinal sıvı (CSF) dahil olmak üzere BF örneklerinde lökosit sayımı ve ayrımını yapmak için

donatılmıştır. Bununla birlikte, düşük hücre konsantrasyonuna sahip olan normal ve patolojik düzey arasındaki sınırdaki yer alan CSF örnekleri için tanısal doğruluk güvenilir değildir. Bu sınırlamayı aşmak için "yüksek hassasiyetli analiz (hsA) modu" adı verilen yeni bir akış sitometrisi temelli teknoloji geliştirilmiştir. Ayrıca, XN serisi analizöre normal lökosit farklılaşması ve anormal malign hücre tespiti de dahil olmak üzere hücre morfolojisini sınıflandıran otomatik dijital hücre görüntüleme analizörü DI-60 da eklenmiştir. Çeşitli BF örnekleri kullanarak, XN-hsA modu ve DI-60'nın manuel mikroskopik inceleme ile karşılaştırıldığında performansını değerlendirdik. XN-hsA modunun tekrarlanabilirliği, düşük hücre yoğunluklu örneklerde iyi sonuçlar verdi (% KZ: 6 hücre/ μ L için % 7,8). XN-hsA modunun doğrusalılığı 938 hücre/ μ L'ye kadar belirlendi. XN-hsA moduyla elde edilen hücre sayısı, karşılık gelen mikroskopik incelemeyle yüksek düzeyde korelasyon gösterdi. DI-60 analizleri ile manuel mikroskopik sınıflandırma arasında, monositler hariç tüm lökosit tipleri için iyi bir korelasyon gözlemlendi. Sonuç olarak, XN-hsA moduyla hücre sayımının kombinasyonu ve DI-60 moduyla otomatik morfolojik analiz, BF hücrelerinin otomatik analizi için potansiyel olarak faydalıdır (Takemura ve ark., 2018).

Çalışmada Amaç: Sysmex DI-60 sistemi (DI-60, Sysmex, Kobe, Japonya), yeni bir otomatik dijital hücre görüntüleme analizörüdür. DI-60'ın performansını, Sysmex XN analizörü (XN, Sysmex) ve manuel sayımla karşılaştırmak amacıyla araştırma yapılmıştır. **Yöntemler:** Toplam 276 örnekte (176 anormal ve 100 normal örnek), DI-60 ile elde edilen beyaz kan hücresi (WBC) farkiyel, kırmızı kan hücresi (RBC) sınıflandırması ve trombosit (PLT) tahminleri, XN ve/veya manuel sayımla karşılaştırılmıştır. RBC morfolojisi, ön sınıflandırma ve doğrulama aşamaları arasında Uluslararası Klinik ve Laboratuvar Standartları Enstitüsü (ICSH) derecelendirme kriterlerine göre karşılaştırılmıştır. Manuel sayım, Klinik ve Laboratuvar Standartları Enstitüsü kılavuzlarına (H20-A2) göre gerçekleştirilmiştir. **Bulgular:** DI-60 ile manuel sayım arasındaki genel uyum oranı WBC'ler için %86,0 olarak bulunmuştur. DI-60 ön sınıflandırma ve doğrulama arasındaki uyum WBC beş bölümlü farkiyeller için mükemmel düzeyde olup (ağırlıklı $\kappa=0,963$) dir. Manuel sayım ile çok güçlü bir korelasyon, nötrofiller için ($r=0,955$), lenfositler için ($r=0,871$), olgunlaşmamış granüsitler için ($r=0,820$) ve blastlar için ($r=0,879$) elde edilmiştir. RBC derecelendirmesi, ICSH derecelendirme kriterlerine dayanarak DI-60 ve manuel sayım arasında dikkate değer farklılıklar göstermiştir. DI-60 tarafından elde edilen trombosit

sayısı, XN tarafından elde edilen sayıyla yüksek düzeyde korelasyon göstermiştir ($r=0,945$). Bununla birlikte, DI-60, belirgin trombositosisli örneklerde trombosit sayısını düşük tahmin etmiştir. Sonuç: DI-60'ın WBC farkiyel, RBC sınıflandırması ve trombosit tahminlemesi performansı, doğrulama sonrasında anormal örneklerde bile kabul edilebilir görünmektedir. DI-60, hematoloji laboratuvarlarında iş akışını optimize etmede ve manuel iş yükünü azaltmada yardımcı olabilir (Kim ve ark., 2018).

Lökosit farkları, klinik bakımın önemli bir bileşenidir. Lökositleri doğru bir şekilde sınıflandırmak için periferik kan yaymalarının morfolojik değerlendirmesi gerekebilir. Bununla birlikte, manuel mikroskopi işgücü yoğundur. CellaVision DM96, periferik kan yaymalarında lökositlerin dijital görüntülerini edinen, hücre tiplerini ön sınıflandıran ve bunları bir Patoloğun onaylaması veya yeniden sınıflandırması için ekranda gösteren otomatik bir sistemdir. Çalışma, DM96 sonuçlarını manuel mikroskopi ile karşılaştırmaktadır. Yöntemler: Üç yüz elli dokuz periferik kan yayması manuel mikroskopi kullanılarak 200 lökosit hücre sayımıyla değerlendirildi. Ardından, gerekli durumlarda yeniden sınıflandırma yapılması dâhil olmak üzere, CellaVision DM96 kullanılarak 115 lökosit hücre sayımıyla tekrar değerlendirildi. Her hücre tipi için manuel mikroskopi sonuçları ile CellaVision DM96 sonuçları arasındaki korelasyon hesaplandı. Bulgular: Korelasyon katsayıları (r^2) patlayıcılar için 0,99'dan metamiyelositler için 0,72'ye kadar değişmektedir. Sonuçlar: CellaVision DM96 ile manuel mikroskopi arasındaki korelasyon, daha önce yayınlanan verilere göre en azından aynı derecede iyiydi. Lökosit sınıflandırmasının doğruluğu hücre tipine bağlıdır ve genel olarak, nadir hücre tipleri için daha düşük korelasyon vardır. Bununla birlikte, korelasyon, manuel mikroskopinin kurulu bir referans sonuçla olan korelasyonuyla benzerdir. Bu nedenle, CellaVision DM96 klinik uygulama için uygun bir yöntemdir (Lee ve ark., 2013).

Veteriner tıp alanında tam kan sayımı, minimum veri tabanının temel yapı taşlarından biridir. Son 20 yılda hematoloji analiz cihazlarının teknolojisi ve genel uygulayıcılar için erişilebilirliği büyük ilerleme kaydetmiştir. Tam kan sayımı için veri oluşturmak için kullanılabilecek 4 temel yöntem vardır: manuel yöntemler, kantitatif buffy coat analizi, otomatik empedans analizi ve akım sitometri analizi. Bu makale, bu yöntemlerin prensiplerini gözden geçirecek, bazı avantajlarını ve dezavantajlarını tartışacak ve veteriner laboratuvarları için mevcut olan bazı hematoloji analiz cihazlarını tanımlayacaktır (DeNicole DVM ve ark., 2011).

Anne sepsisi, dünya genelindeki anne ölümlerinin %11'inden sorumludur ve anne ölümlerinin en yaygın üçüncü nedenidir. Son yıllarda, sağlık sektörü büyük veri kümelerini analiz etmek ve gizli ilişkileri ortaya çıkarmak için makine öğrenimini yeni bir araç olarak gözlemlemektedir. Sepsisin tahmin edilmesi ve risk yönetiminde makine öğreniminin potansiyelini dikkate alarak, sepsis riskini gebelik sırasında erken aşamalarında tespit edebilecek gerçek dünya kanıtlarına dayalı veri modelleri geliştirmektedir. Rusya, Saint-Peterburg'daki Almazov perinatal Tıp Merkezi'nin perinatal merkezindeki elektronik sağlık kayıtlarını retrospektif olarak analiz ettik. Çalışmanın ilk aşamasında, toplamda 15.000 doğum vakasıyla birlikte 74.000 episodun verileri medikal bilgi sisteminde çıkarıldı. Modelin test veri setinde elde edilen performansı %95 AUC idi. Sepsis üzerine yapılan önceki çalışmalara kıyasla, yeni risk faktörleri ve bağımlılıklar ortaya çıkardık. Ayrıca, genel sepsis modelleri ile benzer bir performansa sahip gebelik özgü bir model oluşturmayı başardık. Yaklaşımımızın faydası, çoğu literatürde tarif edilen modellerin birçoğunun laboratuvar test sonuçlarını gerektirmesine karşın, hamile bir kadının canlı bulgularına ve anamnezine dayanmasıdır; bu durumda sepsis şüphesi olmayan durumda klinikçiler tarafından zamanında sipariş verilmeyebilir veya mevcut olmayabilir. Çalışmamızda, modelin tahmin doğruluğunu korurken öngörücülerin sayısını azaltmayı başardık. Bu, modelin klinik uygulamasını basitleştirebilir (Kopanitsa ve ark., 2021).

2.3. Yapay Zekâ Ve Tıp

Yapay zekâ ve tıp, son yıllarda hızla gelişen ve büyük bir potansiyele sahip olan iki disiplindir. Yapay zekâ teknolojileri, tıp alanında teşhis, tedavi ve hasta bakımı gibi birçok alanda önemli gelişmeler sağlamıştır. Bu çalışmada, yapay zekâ ve tıp alanında yapılan önemli çalışmaların bir literatür araştırması sunulmuştur. Aşağıda, incelenen kaynaklardan bazılarına ve çalışmaların ana bulgularına yer verilmiştir:

Tıbbi teşhis süreçlerindeki hukuki boyutlar ve yanlış tedavi sonucu oluşabilecek hasta mağduriyetlerini inceleyen bir yaklaşım sunulmuştur. Açılan davaların büyük çoğunlukla tedavi hatası nedeniyle olduğu, maddi ve manevi tazminat talebi yapıldığı, yerel mahkemeler tarafından çoğunlukla hasta talepleri reddedilse dahi Yargıtay tarafından daha ayrıntılı inceleme yapılması amacıyla kararların bozulduğu tespit edilmiştir. 3 kategoriye ayrılan çalışmada ‘Tıbbi Hata’, ‘Hekim Hatası’, ‘Yanlış Tedavi’ olarak gruplandırılmıştır. 26 dava sonucuna göre Dava edilenler incelendiğinde çoğunlukla hatalı uygulamaya neden olan doktorla birlikte hastanelerin de (%65,4) oranında dava edildiği görülmektedir. Açılan davalarda yapılan iddiaların önemli bir bölümünü (%75,0) yanlış tedavi yapılması oluşturmaktadır. Diğer iddiaların ise özen eksikliği (%14,3) ve dikkatsizlik (%7,1) olduğu saptanmıştır. Davalılar, çoğunlukla davanın reddedilmesi gerektiğini (%73,0), hatanın hastada olduğunu (%11,6) veya meydana gelen sonucun bir komplikasyon (%11,6) olduğunu söyleyerek kendilerini savunmuşlardır. Davaların görüldüğü yerel mahkeme kararları incelendiğinde yapılan tıbbi işlemlerde herhangi bir kusur olmadığını belirterek ret kararı (%60,0) verildiği görülmektedir. Bu çalışmada Tıp alanında oluşan hukuki boyuttaki sorunlara değinilmiştir (Artar ve ark., 2015).

Çalışmanın kullanım amacı, hastane çalışan laboratuvarlarının iş ortamındaki risk faktörlerine ilişkin anlayış ve yorumlamadır. Çalışmada, bir üniversite hastanesinde çalışan 234 laboratuvar çalışanıyla yapılan bir anket kullanıldı. Anket, genel demografik özellikler, çalışma ortamındaki gözlemlerini ve kişisel risk algılarını belirlemek için kullanıldı. Laboratuvar cihazları için özel olarak kullanılan bir teknoloji kullanılarak kullanılan risk algısı değerlendirilmiştir. Çalışmaya katılanların çoğunluğu kadın (%69,2) ve ortalama yaşları 40-49 arasında olmuştur. En sık gözlenen sağlık sorunu alt ekstremitte kremidir. Laboratuvar çalışanlarının risk algısı puanı ortalamanın üzerinde bulunduğu, bu

da çalışan iş ortamındaki risk faktörlerine ilişkin sahiplik sahipliğine sahip olduğunu göstermektedir. Ayrıca, laboratuvar çalışanlarının çalışanlarının risk algısı puanının birimdeki iş deneyimi süresine bağlı olarak saptadığı bulunmuştur. Ancak cinsiyet, yaş, çalışma alanı, eğitim veya genel endüstriyel deneyim süresi gibi diğer değişkenlerle endüstriyel risk algısı arasında yaygın olarak bir ilişki bulunmamıştır. Sonuç olarak, laboratuvar çalışanlarının meslekleri risk algısının, iş deneyimi süresine bağlı olarak değişti ve eğitimin risk algısının boyutunda önemli bir rol oynanacağı amaçlandı. Bu çalışma, laboratuvar çalışanlarının güvenli ve etkili bir çalışma ortamını sağlamak için risk faktörlerine ilişkin kaygıların hakimiyetlerinde önemli bir adım olabilir (Boyacı ve ark., 2021).

Tıbbi uygulamalarda tanı belirsizliği sıkça karşılaşılan bir durumdur. Belirsiz, şüpheli ve tanısı konulmamış sorunları olan hastalar sıkça ikinci görüş için yönlendirilir. Yönlendirme tanılarının nihai tanımlarla karşılaştırılması, nihai tanılar ne sıklıkla değiştiğini ve tıbbi bakımın yönünü nasıl etkilediğini belirlemek için bir fırsat sunar. Bir retrospektif çalışma, 1 Ocak 2009 ile 31 Aralık 2010 tarihleri arasında bir akademik tıp merkezinde gerçekleştirildi. Örneklemeye dahil edilen 286 hasta, birinci basamak sağlık hizmetinden yönlendiren hekim yardımcıları, hemşire uygulayıcıları ve doktorlar tarafından yönlendirildi. Hastaların yönlendirme ve nihai tanımları karşılaştırılarak üç kategoriye ayrıldı: yönlendirme tanısı ve nihai tanı aynı, yönlendirme tanısı daha iyi tanımlanmış/geliştirilmiş ve yönlendirme tanısı nihai tanıdan farklı. İlgili kategorilerdeki tedavi maliyetleri, yönlendirme ziyareti ve ilk 30 gün içinde tesisimizde gerçekleşen hizmetler için hesaplandı. Vakaların %12'sinde (36/286), yönlendirme tanımları nihai tanımlarla aynıydı. Nihai tanımlar vakaların %66'sında (188/286) daha iyi tanımlanmış/geliştirilmiş olarak belirlendi; ancak vakaların %21'inde (62/286), nihai tanımlar yönlendirme tanımlarından belirgin şekilde farklıydı. 3. kategorideki (farklı nihai tanımlar) vakaların toplam maliyetleri, 1. kategorideki ($P = .0001$) ve 2. kategorideki ($P = <.0001$) vakalara göre önemli ölçüde daha yüksekti. Tanısı belirsiz sorunlar için ileri uzmanlık bakımına yönlendirmeler, hastanın bakımının önemli bir bileşenidir. Farklılaştırılmamış tanımları ele almak için yeterli kaynaklara sahip olmama durumunda, olası istenmeyen bir sonuç, tedavi gecikmelerine ve komplikasyonlara neden olan yanlış tanımlardır, bu da daha maliyetli tedavilere yol açabilir (Such ve ark., 2017).

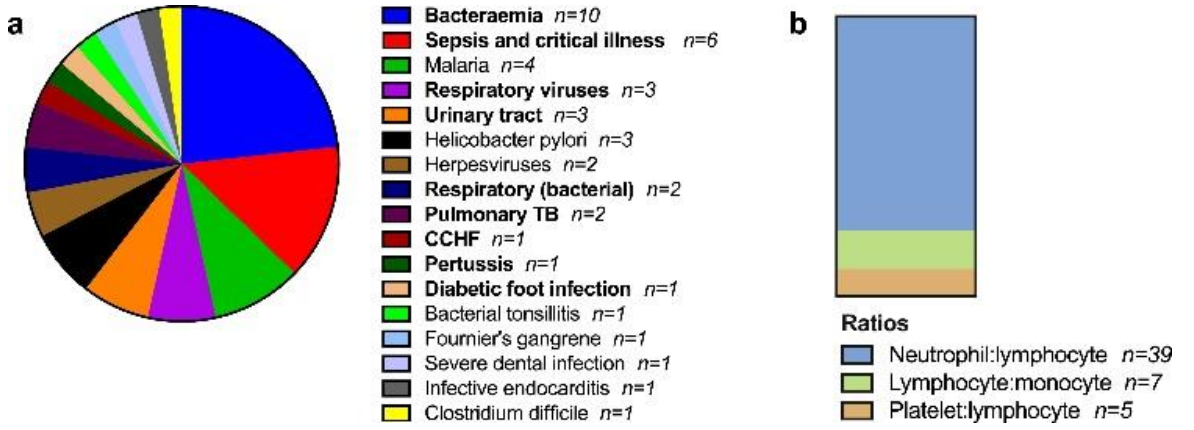
Sağlık sistemleri, tıbbi testlerden elde edilen büyük veri setlerini üretmektedir. Veri madenciliği, tıbbi muayeneler gibi büyük veri kümelerindeki desenleri keşfetme işlemidir. Kan hastalıkları da bir istisna değildir; hastalarından birçok test verisi toplanabilir. Bu makalede, kan testi özellikleri ile kan tümörü arasındaki ilişkileri keşfetmek için veri madenciliği tekniklerini uyguladık ve hastalığı erken bir aşamada tahmin etmek için kullanılabilecek bir model oluşturduk. Üç farklı veri madenciliği tekniği olan ilişki kuralları, kural türetme ve derin öğrenmeyi kullanarak kan testi veri setimizde deneyler yaptık. Deneylerimizin amacı, normal kan hastalığına sahip hastaları kan tümörü olan hastalardan ayırt edebilen modeller oluşturmaktır. Filistin'deki Gaza European Hastanesi'nden gerçek veriler üzerinde farklı metrikler kullanarak sonuçlarımızı değerlendirdik. Sonuçlarımız, ilişki kurallarının kan testi özellikleri ile kan tümörü arasındaki ilişkiyi verebildiğini gösterdi. Ayrıca, derin öğrenme sınıflandırıcılarının kan hastalıklarının tümör tiplerini %79,45 doğruluk oranıyla en iyi şekilde tahmin edebildiğini gösterdi. Ayrıca, kural türetme bize hem tümör hem de normal hematolojiyi açıklayan kuralların bir açıklamasını verdi (El-Halees ve ark., 2017).

3. GEREÇ VE YÖNTEM

3.1. Hastalıklar

Kan hastalıklarının tanımlanmasında tam kan sayım cihazından elde edilen kan tahlil sonuçları, mikroskop altında incelenen hücresel morfolojiler ve flow sitometri cihazından elde edilen grafiksel veriler kullanılmaktadır.

Literatürde mikroskop altında incelenen kan numunesine periferik yayma ve boyama süreçleri sonrasında incelenmesi gerekmektedir. Şekil 1’de Hastalıklı yapıların grafiksel gösterimi yer almaktadır (Clark D., 2019).



Şekil 1: Bulaşıcı hastalıklı ve lökosit oranları

Yapılan bir çalışmada, periferik kan filmi (PBF) adı verilen bir laboratuvar çalışmasının klinik hastalıkların karakterizasyonunda ne kadar değerli olduğunu vurgulamaktadır. PBF, kan hücrelerinin bir slayta sürüldüğü bir sitoloji çalışmasıdır. Hematoloji otomasyonunda ve moleküler tekniklerin uygulanmasında ilerlemelere rağmen, PBF hala hematologlar için çok önemli bir tanı testi olmuştur. Kaliteli bir smear hazırlığı, detaylı bir inceleme ve hastanın klinik durumuna uygun bir yorum, hematopatolog tarafından sağlanmalıdır. Klinisyenler, hastaların yönetiminde PBF'nin klinik faydası ve raporların doğru uygulanması konusunda bilgi sahibi olmalıdır (AS Adewoyin, 2014).

Bir başka çalışmada ise, moleküler profillemenin, insan hastalıklarının daha kapsamlı bir şekilde yönetilmesini sağlayan yeni ve umut verici bir araç olduğu

belirtilmektedir. Özellikle hastalığın transkriptomunu (transkriptomik portreler) belirleyen mikroyarray tabanlı moleküler profillemenin, hastalığa özgü belirteçlerin tanımlanmasında kullanılabileceği ifade edilmektedir. Ancak şu ana kadar insanlarda hedef dokulardan örnekleme yapmanın zorluğu, özellikle genel olarak sağlıklı popülasyonlarda, transkriptomik araştırmaları engellemiştir. Bu nedenle, dolaşan kanın kolaylıkla erişilebilir olması ve vücuttaki patolojik değişiklikleri yansıtabilmesi nedeniyle, periferik kan, insan hastalıklarının moleküler profillemesi için doku örneklerine alternatif olarak önerilmektedir. Bu alana "bloodomics" adı verilmiştir. Kan örneklerinden tahmin edici ve tanısal profiller belirlemek, klinik laboratuvar tıbbını ve hastaların yönetimini önemli ölçüde etkileyecektir. Bu makalede "bloodomics" kavramları ve periferik kan transkriptomu veya "transkripsiyonel bloodomics" ile ilgili umut verici sonuçlar tartışılmakta, modelin zorlukları ve alternatif yaklaşımlar üzerine konuşulmakta ve bu alanda gelecekteki gelişmeler için önerilerde bulunmaktadır (Steve Mohr, 2007).

3.2. Veri Toplama

Veri toplama süreci 3 modül için ayrı ayrı yapılmaktadır. Bu modüller Kan tahlil sonuçları, Hücresel morfoloji analizi ve flow sitometri'dir. Erciyes Üniversitesi Tıp Fakültesi Mehmet Kemal Dedeman Hematoloji – Onkoloji Hastanesinde etik kurul izinleri alınarak çalışmalar yürütülmektedir. Hasta onam formları alınarak, elde edilen hasta verileri üzerinde çalışılmıştır. 260 hasta verisi üzerinde çalışmalar yürütülmüştür. Hastalardan yoğunluklu olarak mikroskop altında elde edilen hücresel morfolojik görseller alınmaktadır. Bunun yanı sıra Roboflow hazır verisetlerinden de yararlanılmıştır. Tüm tıbbi süreçlerde hematoloji hastanesinde görev alan Prof. Dr. Ali Ünal katkı sağlayarak çalışmada yer almaktadır.

3.3. Modül 1: Kan Tahlil Sonuçları

Doktor hastalığından şüphelendiği kişileri ilk aşamada kan hücrelerinin parametrelerinin ölçülmesi için kan tahlili istenmektedir. Şekil 2 ve 3'te örnek bir hastanın kan tahlil sonuçları gösterilmektedir. Kan parametrelerinin sayısal olarak ne kadar olduğunun ölçüldüğü tam kan sayım cihazından elde edilen verilerdir. Bu verilerde Kan parametrelerinin isimleri, değerleri, olması gereken referans aralıkları ve geçmişteki ölçümlerine dair bilgiler yer almaktadır. Kan tahlil sonuçlarında hemogram ve biyokimya kan tüplerindeki veriler alınmaktadır. Doktor bu bilgilere bakarak referans aralıklarının altında veya üzerinde olması durumuna göre yorumlayarak hangi hastalık olduğuna tecrübesini de dahil ederek karar vermektedir. Bu aşamada hasta olduğuna kanaat getirmesi durumunda mikroskopta inceleme aşamasına başvurmaktadır.

Modül 1'de ki çalışmada veriler üzerinde Python programlama dili matplotlib kütüphanesinden yararlanarak veri görselleştirilmesi yapılmıştır. Tarihsel durumlarına göre ölçülen değerleri her parameter için ayrı bir grafik olacak şekilde referans aralıkları içerisinde kalanları yeşil bölgede referans aralıklarının dışında kalan bölgeleri kırmızı bölgede göstererek verilerin okunmasını daha hızlı ve basit hale getirilmiştir.

TIBB LABORATUVAR TETKİK SONUÇ RAPORU (TIBB B YOK MYA)

Laboratuvar Ruhsat No :

Hastanın Adı,Soyadı	:				
TC Kimlik	:				
Doğum Tarihi , Cinsiyet	:	25.07.1958	Erkek	YA / 63	
Protokol / Dosya / stem No	:				
Rapor Numarası	:				

Merkez Biyokimya Laboratuvarı	Barkod No :	Numune Türü : SERUM
Tetkiki isteyen :	Tetkik stem Zamanı : 04.02.2022 09:21	Numune Kabul Zamanı : 04.02.2022 09:42
HEMATOLOJİ K T ÜN TES POL KL N K.	Numune Alma Zamanı :	Uzman Onay Zamanı : 04.02.2022 12:42

Tetkik Adı	Sonuç	Durum	Birim	Referans Aralığı / Karar Sınırı	Önceki Sonuçlar
MERKEZ B YOK MYA TETKİKLERİ					
Numune Türü : SERUM					
GLUKOZ	338	Y	mg/dL	82 - 115	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 214 199 222
CRP (Türbidimetrik)	143,22	Y	mg/L	0 - 5	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 5,13 17,04 5,15
BUN	23		mg/dL	8 - 23	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 15,8 18,9 16,3
Kreatinin	1,38	Y	mg/dL	0,5 - 1,20	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 1,01 1,11 1,23
CKD_EPI	54,02	Y			14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 78,79 70,29 62,09
Ürik Asit	3,6		mg/dL	3,4 - 7	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 3,3 3,5 4,3
KALSİYUM (SERUM/PLAZMA)	9,03		mg/dL	8,8 - 10,2	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 9,28 9,22 9,16
Fosfor Serum	4,09		mg/dL	2,5 - 4,5	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 3,41 3,64 3,66
Magnezyum	0,89		mmol/L	0,66 - 0,99	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,8 0,83 0,9
Sodyum	139		mmol/L	136 - 145	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 137 142 141
Potasyum	4,49		mmol/L	3,5 - 5,1	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 4,29 4,56 4,71
Total_Bilirubin	1,24		mg/dL	0 - 1,4	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,51 0,38 0,76
Direk_Bilirubin	0,48	Y	mg/dL	0 - 0,3	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,23 0,16 0,25
GGT	38		u/L	10 - 71	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 31 34 31
LDH	280	Y	u/L	135 - 250	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 169 326 229
AST	18		u/L	0 - 40	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 17 18 26
ALT	30		u/L	0 - 41	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 32 34 42
Alkalen Fosfataz	79		u/L	40 - 130	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 89 110 82
Total Protein	7,37		g/dL	6,4 - 8,3	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 6,76 7,12 7,36
Albumin	4,49		g/dL	3,5 - 5,2	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 4,42 4,45 4,5
UİBC	351	Y	µg/dL	155 - 300	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 325 342 370
Demir	42	D	µg/dL	59 - 158	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 92 69 121
Demir Bağlama	393	Y	µg/dL	125 - 392	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 417 411 491

Şekil 2: Örnek bir hastanın sayısal biyokimya tetkikleri

TIBB LABORATUVAR TETKİK SONUÇ RAPORU (TIBB B YOK MYA)

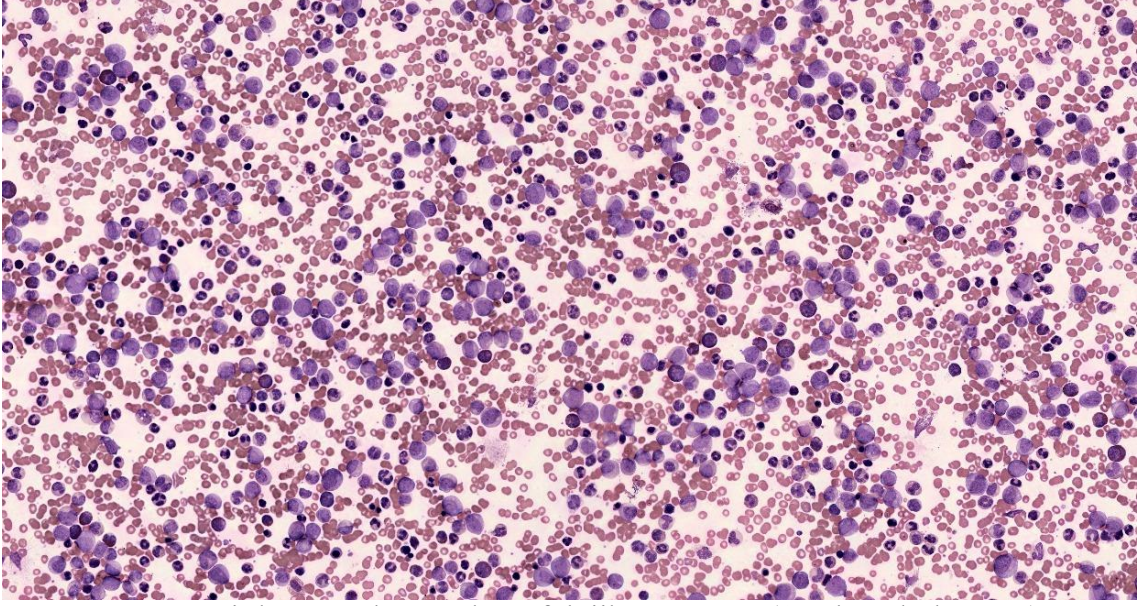
Laboratuvar Ruhsat No :

Hastanın Adı, Soyadı	:				
TC Kimlik	:				
Doğum Tarihi, Cinsiyet	:	25.07.1958	Erkek	YA / 63	
Protokol / Dosya / Stem No	:				
Rapor Numarası	:				
Hematoloji Laboratuvarı	Barkod No :			Numune Türü : KAN	
Tetkiki isteyen :					
HEMATOLOJİ K T ÜN TES POL KL N K.	Tetkik stem Zamanı	: 04.02.2022 09:20	Numune Kabul Zamanı	: 04.02.2022 09:50	
	Numune Alma Zamanı	:	Uzman Onay Zamanı	: 04.02.2022 09:59	
Tetkik Adı	Sonuç	Durum	Birim	Referans Aralığı / Karar Sınırı	Önceki Sonuçlar
HEMATOLOJİ (CBC)				Numune Türü : KAN	
WBC (Beyaz Küre Sayımı)	3,69	D	10 ³ /µL	4,8 - 10,7	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 3,79 4,54 4,04
HGB (Hemoglobin)	15,3		g/dL	14 - 18	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 14,2 14,5 14,5
PLT (Platelet)	81	D	10 ³ /µL	130 - 400	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 114 147 158
NEUT% (Nötrofil)	64		%	43 - 65	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 47,4 57,9 62,2
LYMPH% (Lenfosit)	22,5		%	20,5 - 45,5	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 40,4 25,6 31,9
MONO% (Monosit)	7		%	5,5 - 11,6	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 9 12,3 9,2
EO% (Eozinofil)	6	Y	%	0,9 - 2,9	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 2,1 2,2 6,2
BASO% (Bazofil)	0,5		%	0,2 - 1	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 1,1 2 1,5
IG% (mmatür Granulosit)	0,5	D	%	2,22 - 4,8	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,5 0,2 1
NEUT# (Nötrofil)	2,36		10 ³ /µL	2,2 - 4,8	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 1,8 2,83 2,11
LYMPH# (Lenfosit)	0,83	D	10 ³ /µL	1,3 - 2,9	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 1,53 1,16 1,29
MONO# (Monosit)	0,26	D	10 ³ /µL	0,3 - 0,8	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,34 0,56 0,37
EO# (Eozinofil)	0,22	Y	10 ³ /µL	0 - 0,2	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,08 0,1 0,21
BASO# (Bazofil)	0,02		10 ³ /µL	0 - 0,1	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,04 0,09 0,06
IG# (mmatür Granulosit)	0,02		10 ³ /µL	0,01 - 0,06	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,02 0,01 0,04
RBC (Eritrosit Sayısı)	5,09		10 ⁶ /µL	4,7 - 6,1	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 4,83 4,95 4,88
NRBC% (Çekirdekli Eritrosit)	0		NRBC/100	0 - 2	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0 0 0
NRBC# (Çekirdekli Eritrosit)	0		10 ³ /µL	0 - 0,2	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0 0 0
HCT (Hematokrit)	42,4		%	42 - 52	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 40,3 41,5 42,6
MCV (Ort.Eritrosit Volümü)	83,3		fL	80 - 94	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 83,4 83,8 87,3
MCH (Ort.Eritrosit Hemoglobini)	30,1		fL	27 - 31	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 28,4 29,3 29,7
MCHC (Ort.Eritrosit Hb.Kons.)	36,1	Y	fL	32 - 36	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 35,2 34,9 34
RDW-CV (Eritrosit Dağılım Geniliği)	14,8	Y	%	11,5 - 14,5	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 15,1 14,8 15,8
RDW-SD (Eritrosit Dağılım Geniliği)	44,6		fL	38 - 50	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 44,8 44,2 48,8
MPV (Ort. Platelet Volümü)	12,1	Y	fL	7,4 - 10,4	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 10,5 11,6 11,6
PCT (Plateletrit)	0,1	D	%	0,158 - 0,425	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 0,12 0,17 0,18
PDW (Platelet Dağılım Geniliği)	17,8	Y	fL	9,5 - 15,2	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 14,8 16,5 14,9
P-LCR (Büyük Trombosit Oranı)	43,4		%	19,4 - 43,7	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 31,3 38 37,6
YAYMA (KAN)	-			0 - 1	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 - - -
SEDİMENTASYON (KAN)	42	Y	mm/s	0 - 20	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 21 44 18
DI (Periferik Yayma Görüntüleme)	-			0 - 1	14.01.2022 15.12.2021 10.11.2021 - - -

Şekil 3: Örnek bir hastanın sayısal hemogram tetkikleri

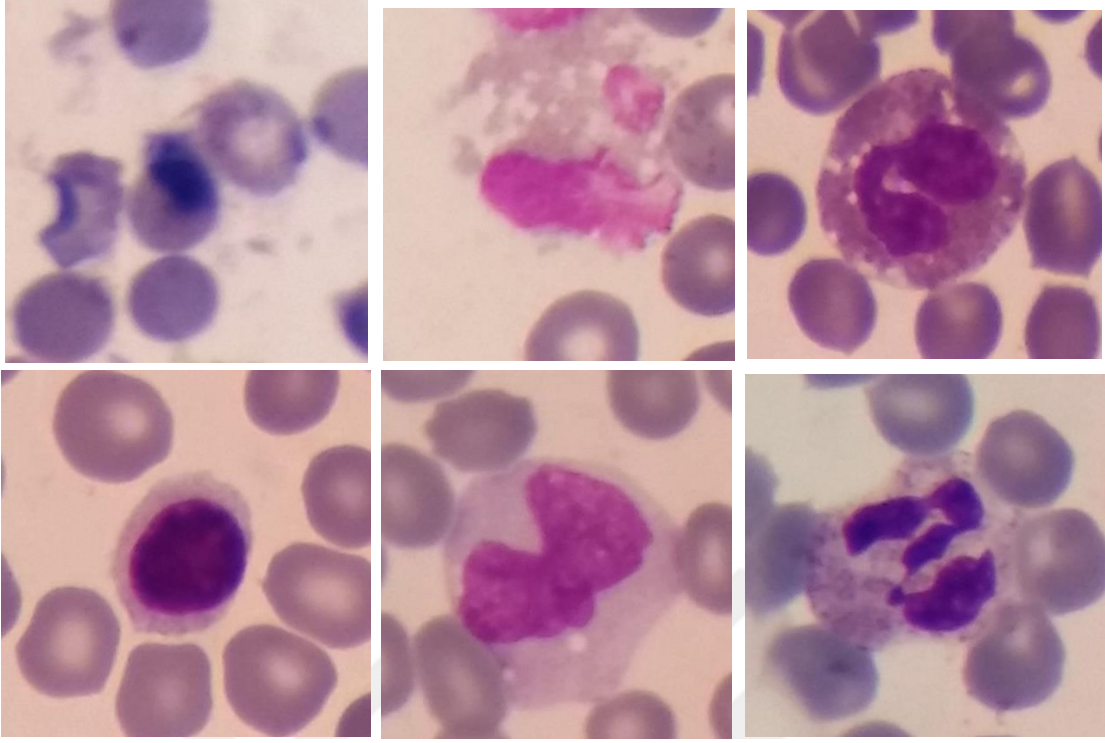
3.4. Modül 2: Hücresel Morfoloji Analizi

Şekil 4'te mikroskop altında incelenen kanın periferik yayma ve boyama numunesindeki 10x büyütülmüş hali gösterilmektedir. Görselde hücreler karmaşık yapıda ve üst üste görünme durumları olabilmektedir. Doktorlar hücreleri tek tek inceleyerek hastalıklı yapıları tespit etmesi gerekmektedir.



Şekil 4: Bir hastanın hücresel morfolojik görüntüsü (10x büyültülmüştür)

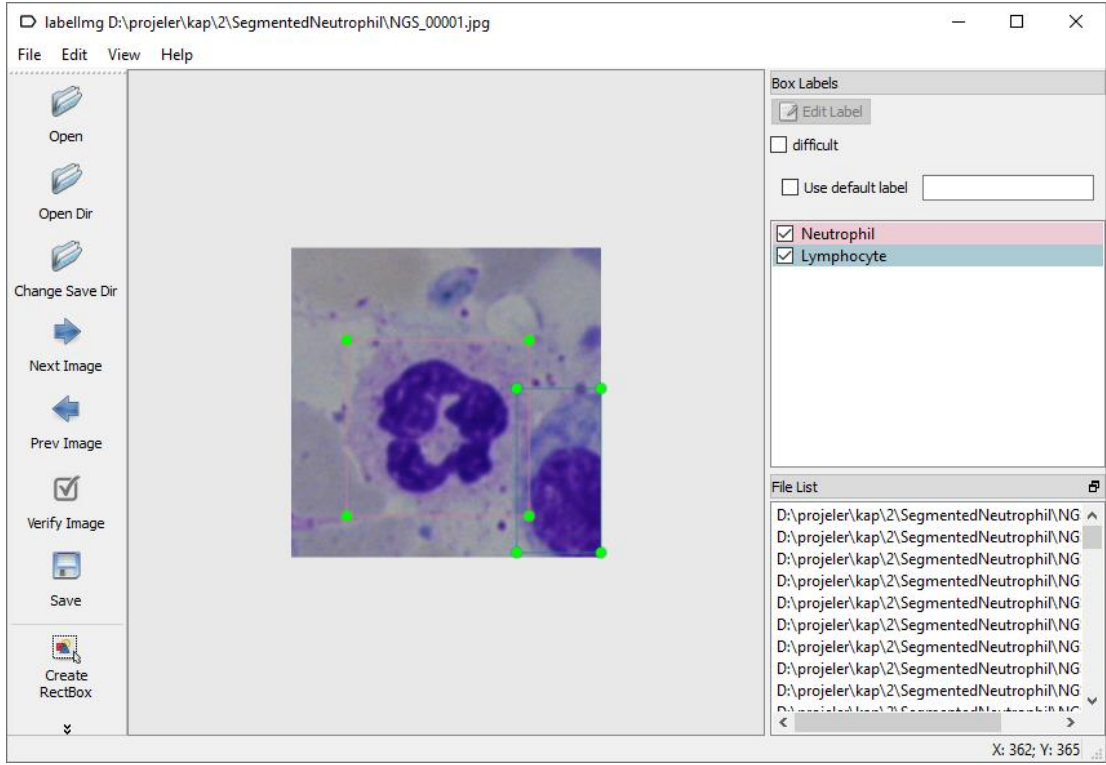
Şekil 5’te bir kan numunesindeki 100x büyültülmüş hali ile hücresel granül yapısı gösterilmektedir. Bu hücrelerin şekil yapıları farklılık göstermektedir. Granül yapısı büyük olan hücreler Beyaz kan hücreleri, granül bulunmayan hücreler Kırmızı kan hücrelerini göstermektedir. Noktasal şekillerde granülü bulunan küçük hücre grupları ise trombositlerdir. 26.000 görüntü 6 sınıfta oluşturulmuştur. 1 sınıfta ise bilinmeyen görüntüler tutulmaktadır.



Şekil 5: Bir hastanın hücresel granül yapısındaki farklılıklar (100x oranında büyültülmüştür)

Şekil 4 ve Şekil 5'te gösterildiği gibi insan kan hücrelerinin yapısı ve karmaşıklığı gösterilmektedir. Her bir hücrenin yapısı ve şekli farklılık göstermektedir. Bu hücresel formların tespit edilmesi gerekmektedir. Bu işlem doktorun kendi başına incelemesinde uzun zaman alabilmektedir. Görsellerin bir kısmını roboflow dataset üzerinden alarak hazır verilerden yararlanılmıştır.

Şekil 6'te sınıflandırma çalışmalarında, Artifact, Burst, Eosinophil, Lymphocyte, Monocyte, Neutrophil, Unknn olarak etiketlenmektedir. Hücre görsellerini etiketlemek için birçok program mevcuttur. Yapılan çalışmada LabelImg programı kullanılmıştır.



Şekil 6: Verilerin Etiketlenmesi

Etiketlenen veriler yolov5 dosya formatına uygun hale getirilmektedir. Eğitim için hazırlanan veriseti sonra ki aşamada google colab ortamı kullanılarak eğitim süreci gerçekleştirilmektedir. Çalışmanın genelinde Python programlama dili kullanılmıştır. Pytorch kütüphanesinden yararlanılarak eğitim gerçekleştirilmiştir. Veriseti train, test ve validation olarak 3 klasöre ayrılmaktadır. Veriseti oranı olarak 0.7 train, 0.2 test, ve 0.1 validation olarak ayarlanmıştır.

```
!python train.py --img 640 --batch 32 --epoch 300 --data {dataset.location}/data.yaml --  
cfg ./models/yolov5m.yaml --weights --name results --cache
```

girdi bilgileri ile eğitim gerçekleştirilmektedir. Eğitim sürecinde epoch 141'de model kaydedilmiştir. Şekil 7'te eğitim modelinin özeti (Summary) gösterilmektedir. 391 katmanlı bir model oluşturulmuştur.

	from	n	params	module	arguments
0	-1	1	5280	models.common.Focus	[3, 48, 3]
1	-1	1	41664	models.common.Conv	[48, 96, 3, 2]
2	-1	1	65280	models.common.C3	[96, 96, 2]
3	-1	1	166272	models.common.Conv	[96, 192, 3, 2]
4	-1	1	629760	models.common.C3	[192, 192, 6]
5	-1	1	664320	models.common.Conv	[192, 384, 3, 2]
6	-1	1	2512896	models.common.C3	[384, 384, 6]
7	-1	1	2655744	models.common.Conv	[384, 768, 3, 2]
8	-1	1	1476864	models.common.SPP	[768, 768, [5, 9, 13]]
9	-1	1	4134912	models.common.C3	[768, 768, 2, False]
10	-1	1	295680	models.common.Conv	[768, 384, 1, 1]
11	-1	1	0	torch.nn.modules.upsampling.Upsample	[None, 2, 'nearest']
12	[-1, 6]	1	0	models.common.Concat	[1]
13	-1	1	1182720	models.common.C3	[768, 384, 2, False]
14	-1	1	74112	models.common.Conv	[384, 192, 1, 1]
15	-1	1	0	torch.nn.modules.upsampling.Upsample	[None, 2, 'nearest']
16	[-1, 4]	1	0	models.common.Concat	[1]
17	-1	1	296448	models.common.C3	[384, 192, 2, False]
18	-1	1	332160	models.common.Conv	[192, 192, 3, 2]
19	[-1, 14]	1	0	models.common.Concat	[1]
20	-1	1	1035264	models.common.C3	[384, 384, 2, False]
21	-1	1	1327872	models.common.Conv	[384, 384, 3, 2]
22	[-1, 10]	1	0	models.common.Concat	[1]
23	-1	1	4134912	models.common.C3	[768, 768, 2, False]
24	[17, 20, 23]	1	52533	models.yolo.Detect	[8, [[10, 13, 16, 30, 33, 23].

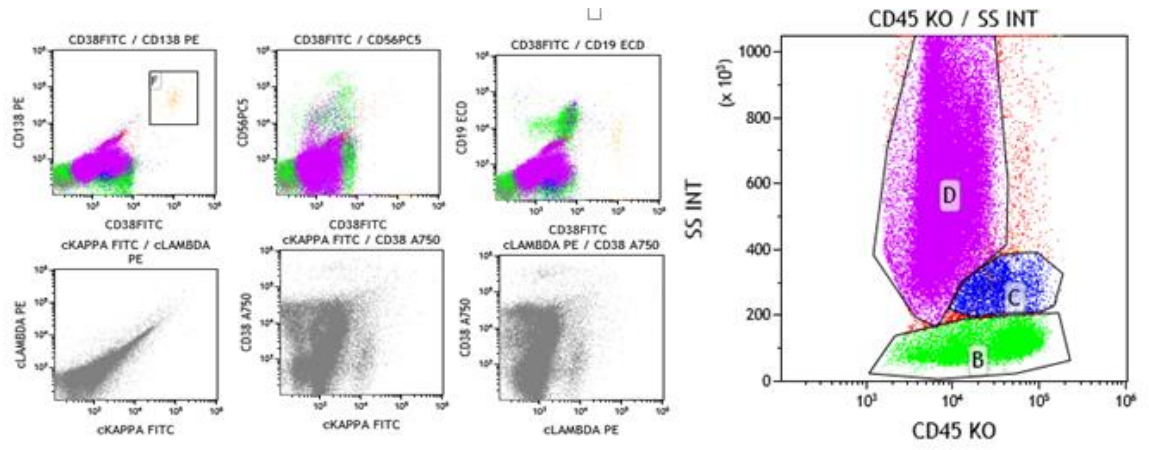
Model Summary: 391 layers, 21084693 parameters, 21084693 gradients

Şekil 7: Eğitim modelinin özeti

Mikroskop aşamasında tespit edilen hücre yapılarının toplam değerleri ve toplam hücre yapılarına göre yüzdeleri hesaplanmaktadır. Böylelikle doktor olması doctorn hücre sayısına göre bilgi elde etmiştir. Buradan elde edilen bilgiler doctor açısından yetersiz kaldığı zamanlarda 3. Modül olan flow sitometri Kesin tanı koymak için flow sitometri yöntemi kullanılmaktadır.

3.5. Modül 3: Flow sitometri

Flow sitometri yöntemi son modüldür. Bu modülde flow sitometri cihazından elde edilen grafik yapısıyla hücre yoğunlukları kesin olarak tespit edilmektedir. Flow sitometri cihazı çalışmasında boya markerları hücre gruplarına spesifik olarak tutunması ile hücre yoğunluk grafikleri çıkarılmaktadır. Bu yöntem ile kesin sonuç konabilmektedir. Şekil 8’da örnek bir flow sitometri grafik yapısı gösterilmektedir. CD45, CD38 ile belirtilen bölümler markerları ifade etmektedir.

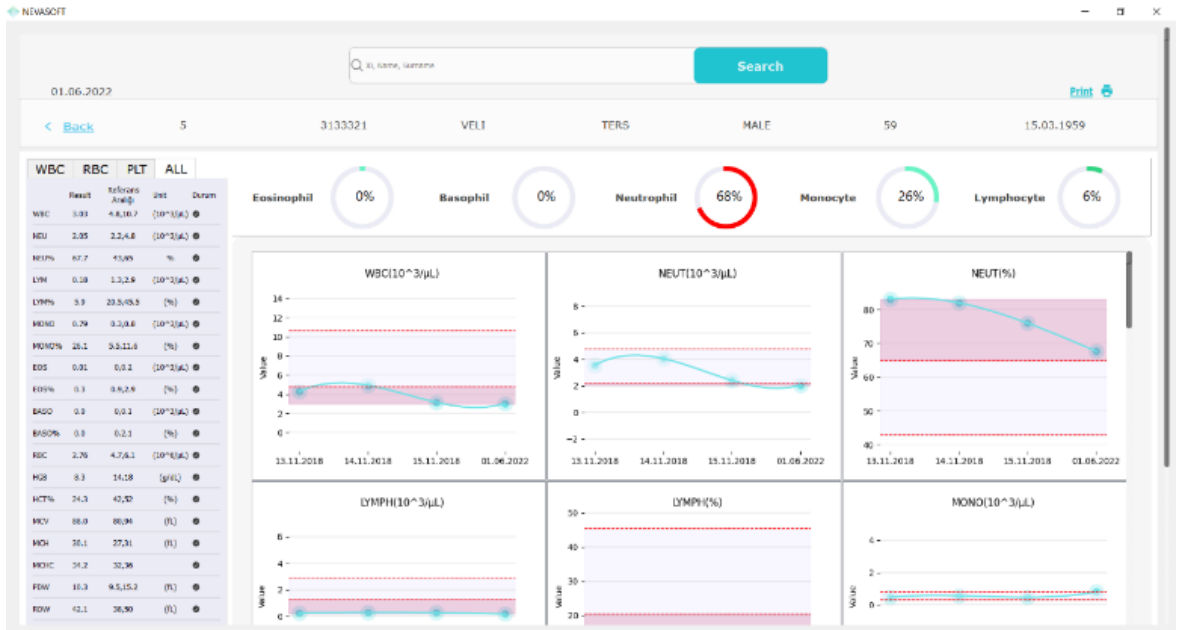


Şekil 8: Flow sitometri grafikleri

4. BULGULAR

Yapay zekâ destekli kan analiz yazılımı 3 modülü bulunmaktadır. Bu modüller, Kan tahlil sonuçları, Hücresel morfoloji analizi ve flow sitometri verilerinin gösterimi şeklindedir.

Kan tahlil sonuçlarında tam kan sayım cihazından elde edilen veriler ve referans değerleri verilmektedir. Çalışmada Arayüz entegrasyonu sağlanarak grafiğe dökülmüştür. Şekil 9’da Nevasoft yazılımının arayüz entegrasyonu sağlanarak Kan tahlil sonuçlarına dair görselleştirme işlemi gösterilmektedir. 30’a yakın parametre geçmişteki tahlil sonuçları ile birlikte değerlendirilerek değerlerin gidişatı gösterilmektedir. Kırmızı bölge ile gösterilenler referans aralıklarının altında veya üzerinde olan hastalık belirtisi gösteren bölgelerdir. Çalışmanın arayüzü Python pyqt5 kütüphanesi kullanılarak tasarlanmıştır. Grafik yapıları figurecanvas fonksiyonu ile oluşturulmuştur. Matplotlib kütüphanesinden yararlanılmıştır.



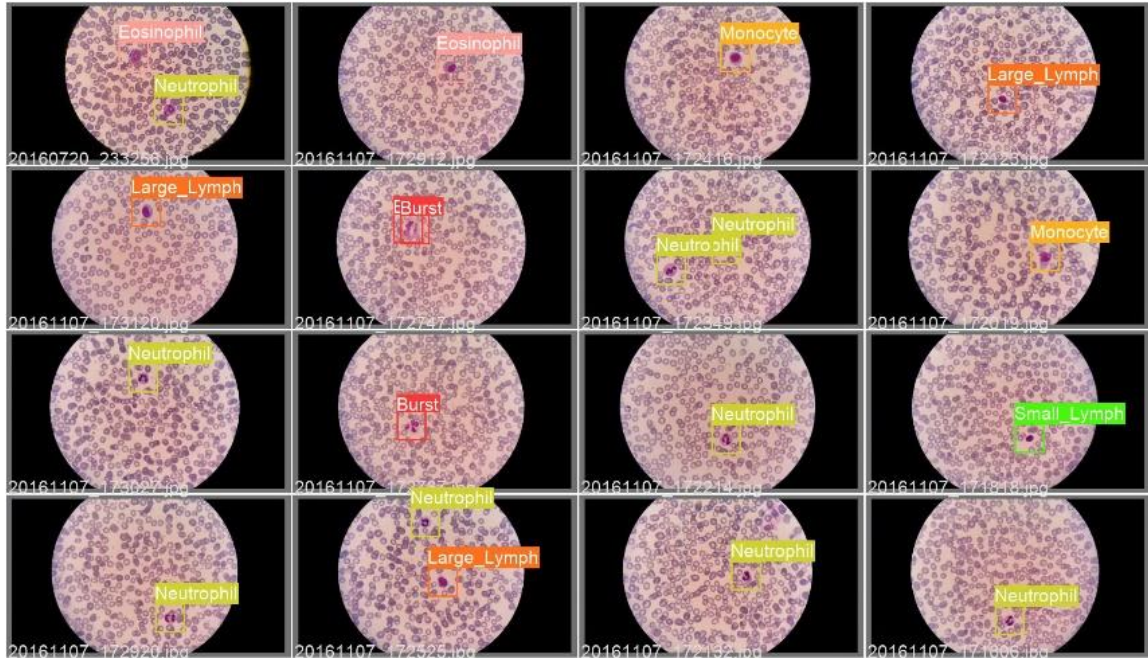
Şekil 9: Kan tahlil sonuçlarının arayüzde görselleştirilmesi

Kan değerlerinin düzenli olarak gösterilmesi için yazılım içerisinde oluşturulan hasta listelerinin bulunduğu sayfada riskli bulunan hatalar uyarıcılar ile gösterimi sağlanmaktadır. Çok riskli hastalar koyu kırmızı ile gösterilirken risksiz hastalar beyaz ile gösterilmektedir. Şekil 10'de Hastalara ait bilgilerin bulunduğu sayfa listesi gösterilmektedir.

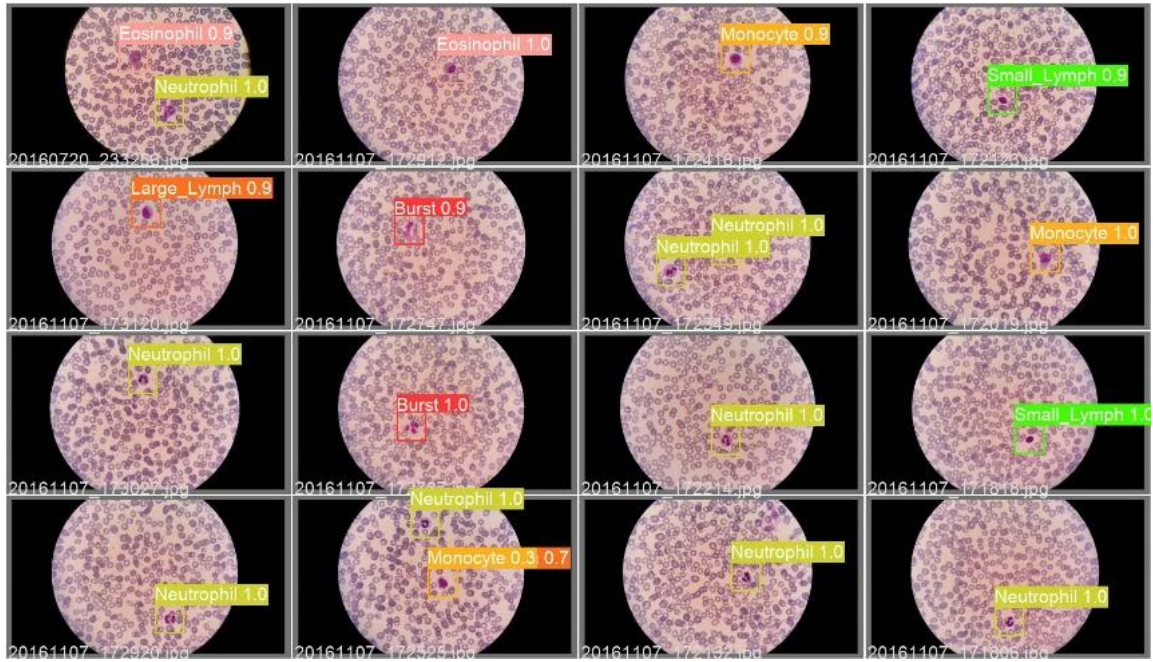
ID	NAME	SURNAME	UPDATE	RISK STATUS	WARNING			
1	ADNAN	SEZGİN	04.02.2022		NONE	True		False
2	AHMET	SELİM	20.10.2020		NONE	False		False
3	ALI	TAS	25.04.2022		NONE	False		False
4	AYLIN	SUNAL	23.05.2022		NONE	False		False
5	VELİ	İLERİ	19.11.2018		NONE	False		False
6	SEYMA	SANAT	23.12.2021		NONE	True		False
7	ERDE	SAMYELİ	16.02.2022		NONE	False		False
8	ELİF	ALİ	29.12.2021		NONE	False		False
9	SEZGİN	GÖKTÜRK	13.06.2021		NONE	False		False
10	FATİH	TUGRA	10.04.2022		NONE	False		False
11	NILAY	PUSAT	19.08.2019		NONE	False		False

Şekil 10: Hasta listesi arayüzü

2. Modül olan hücre morfoloji analizi yolov5 algoritmasını kullanarak hücre tanımlaması yapmaktadır. Bu tanımlamalar eğitilen modelin kullanımı ile yapılmaktadır. Şekil 11 ve 12 'da görseller yapay zekâ modeline gönderilerek tanımlama yapması istenmektedir. Validasyon sonuçlarına göre nesne tanıma modeli işletilmektedir. Görsellerde sınıflandırmalar nesne üzerinde gösterilecek şekilde kare çerçeve şeklinde gösterilmektedir.

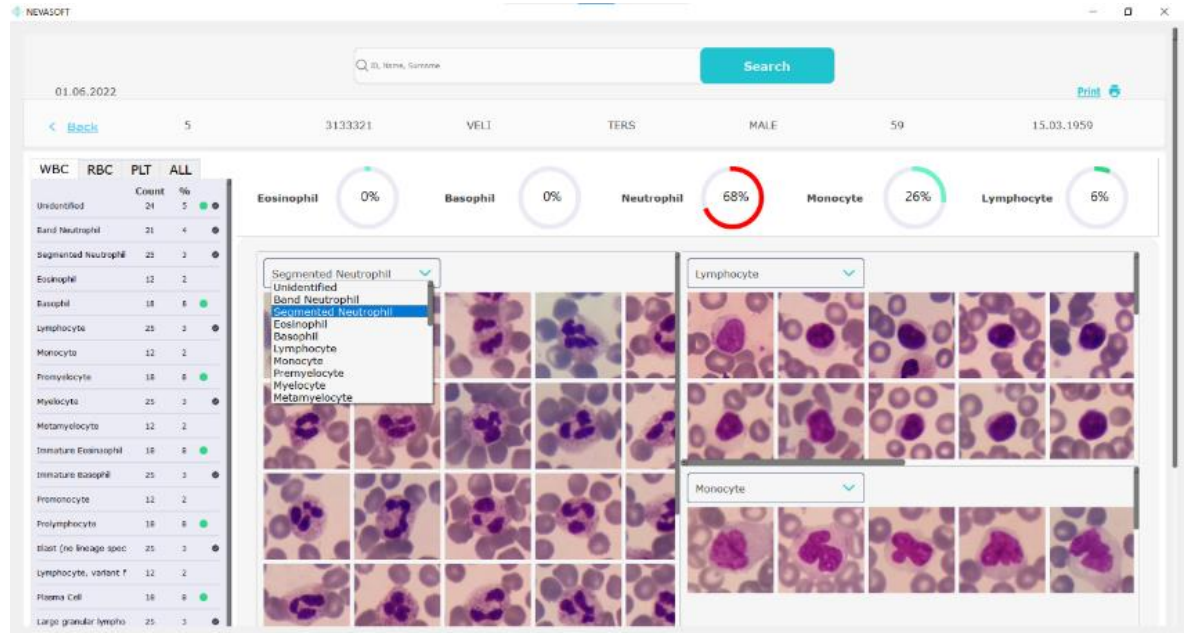


Şekil 11: Validasyon sonuçları- 1



Şekil 12: Validasyon sonuçları- 2

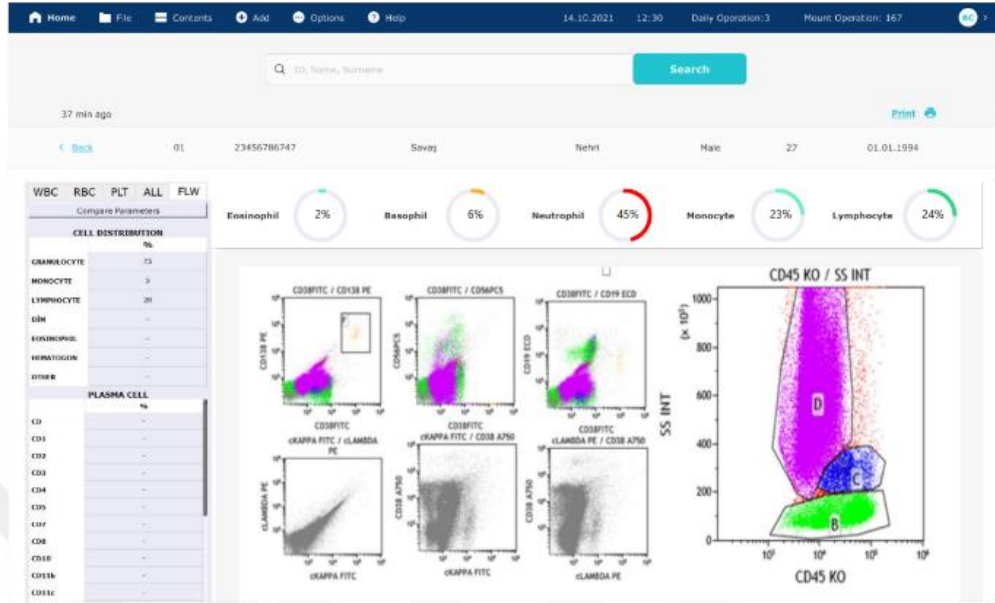
Hücre tanımlamalarının düzenli olarak gösterilmesi için arayüz entegrasyonuna ihtiyaç olmaktadır. Hücrelerin bulunduğu alanlar alınarak arayüzde kendi sınıfına ait olan konuma kaydedilmektedir. Kaydedilen toplam sayı bilgileri ve toplamda bulunan hücre yapılarına göre yüzdesel olarak ne kadarlık bir alan kapladığı hesaplanmaktadır. Şekil 13'te nesne tanıma sonucunda bulunan hücre yapılarının arayüzde gösterimine dair bilgiler yer almaktadır. Ayrıca hücre sayısı ve yüzdesel durumları gösterilmektedir.



Şekil 13: Arayüz ile hücre morfoloji sonuçlarının gösterilmesi

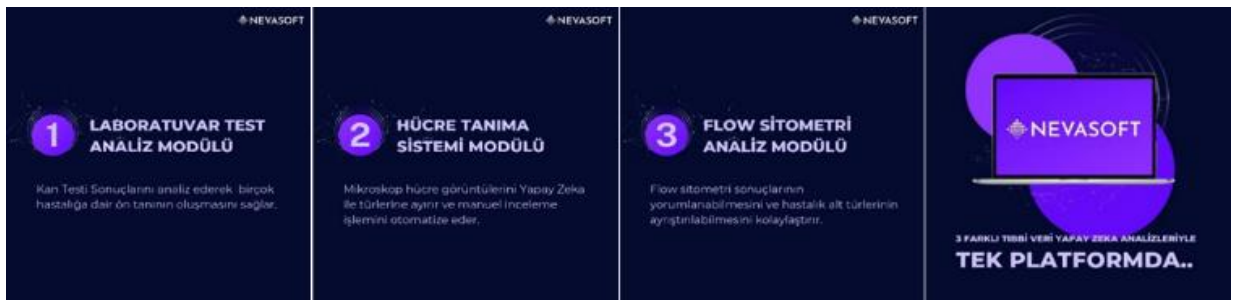
Doktor hücre yapılarını inceleyerek hastalıklı yapıyı tespit edebilmektedir. Arayüz içerisinde tespit edilen hücre yapılarından hastalıklı olan hücreler gösterilmektedir. Bazı durumlarda hastalıkların alt gruplarına dair bilgi elde edilmesi gerekmektedir. Bu tür durumlarda Flow sitometri cihazında elde edilen veriler sonucunda kesin tanı konabilmektedir. Flow sitometri cihazı markerlar aracılığı ile boyama yaparak hücrelere spesifik olarak boyanması ile bunu grafik haline getiren bir üründür. Bu üründen elde

edilen grafiksel yapı arayüze aktarılarak 3 modül tek platformda toplanmıştır. Şekil 14’te Flow sitometri grafiğinin arayüz entegrasyonu gösterilmektedir.



Şekil 14: Arayüz ile flow sitometri grafiğinin gösterilmesi

Flow sitometri boya markerleri olarak CD, CD 1-8, CD-10, CD-11 b-c, CD 13-16, CD-19 ve daha fazlası bulunmaktadır. Sonuç olarak süreçte elde edilen bilgiler neticesinde 3 modülden de faydalanarak tek platform altında doktora yardımcı bir sistem geliştirilmesi amaçlanmıştır. Şekil 15’te Nevasoft yazılımının faydalarından bahsedilmektedir.



Şekil 15: Nevasoft yazılımının 3 modüldeki faydalarının gösterilmesi

5. TARTIŞMA

Tez sonuçlarına göre, yapay zekâ modelinin performansı değerlendirilmiş ve çeşitli kan hücresi sınıflarının tanımlanmasında başarılı olduğu gözlemlenmiştir. Örneğin, "Burst" sınıfı için %92 doğruluk oranı elde edilirken, DI-60 sistemi ile yapılan literatür çalışmasında genel uyum oranının %86,0 olduğu tespit edilmiştir. Benzer şekilde, "Neutrophil" sınıfı için tezin sonuçları %98 doğruluk oranı gösterirken, literatürdeki çalışmada DI-60 sistemi ile elde edilen trombosit sayısı ile XN analizörü tarafından elde edilen sayı arasında yüksek düzeyde korelasyon gözlemlenmiştir.

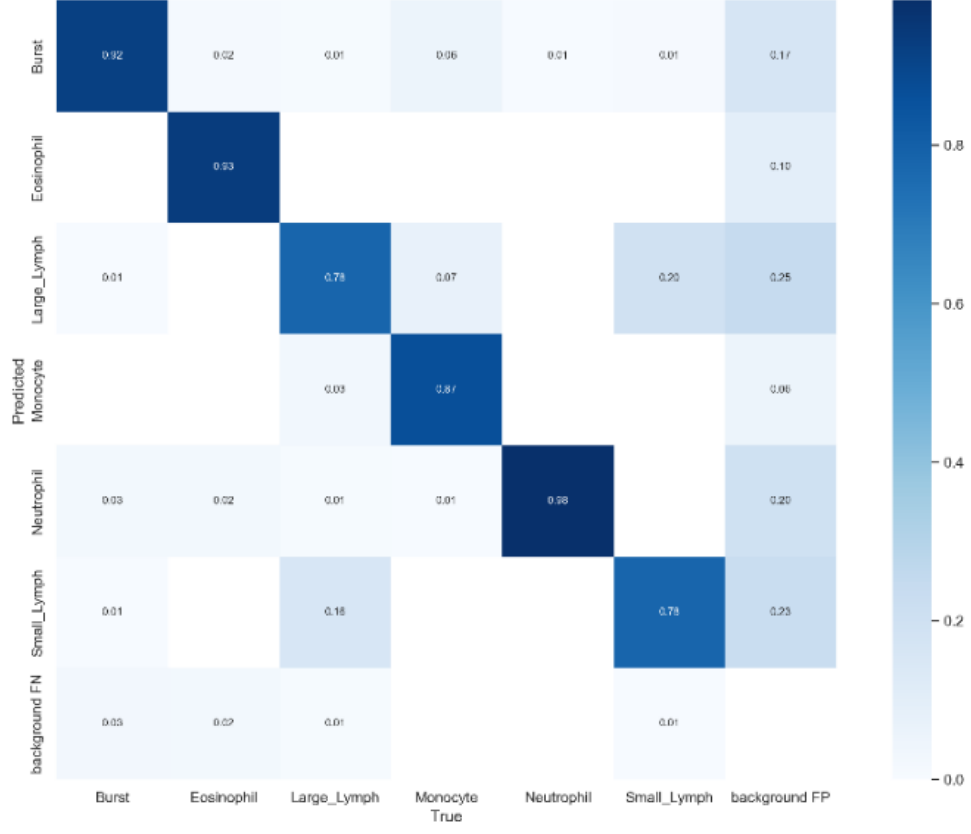
Öte yandan, "Large_lymphocyte" sınıfı için tezin sonuçları %78 doğruluk oranı gösterirken, DI-60 sistemi ile yapılan literatür çalışmasında RBC derecelendirmesi konusunda dikkate değer farklılıklar tespit edilmiştir.

Bu sonuçlar, yapay zekâ modelinin belirli kan hücresi sınıflarının tanımlanmasında başarılı olduğunu ve DI-60 sisteminin hematoloji laboratuvarlarında iş akışını optimize etmede ve manuel iş yükünü azaltmada yardımcı olabileceğini düşündürmektedir. Bununla birlikte, literatürdeki çalışmanın sonuçlarıyla yapılan karşılaştırma, tezin sonuçlarının bazı noktalarda farklılık gösterdiğini ve daha fazla ayrıntılı analiz gerektirdiğini göstermektedir.

Dolayısıyla, bu çalışma, kan hücresi sınıflandırmasında yapay zekâ tabanlı DI-60 sisteminin potansiyelini ortaya koymuş olup, daha kapsamlı bir değerlendirme için ileri çalışmalara yönlendirebilir.

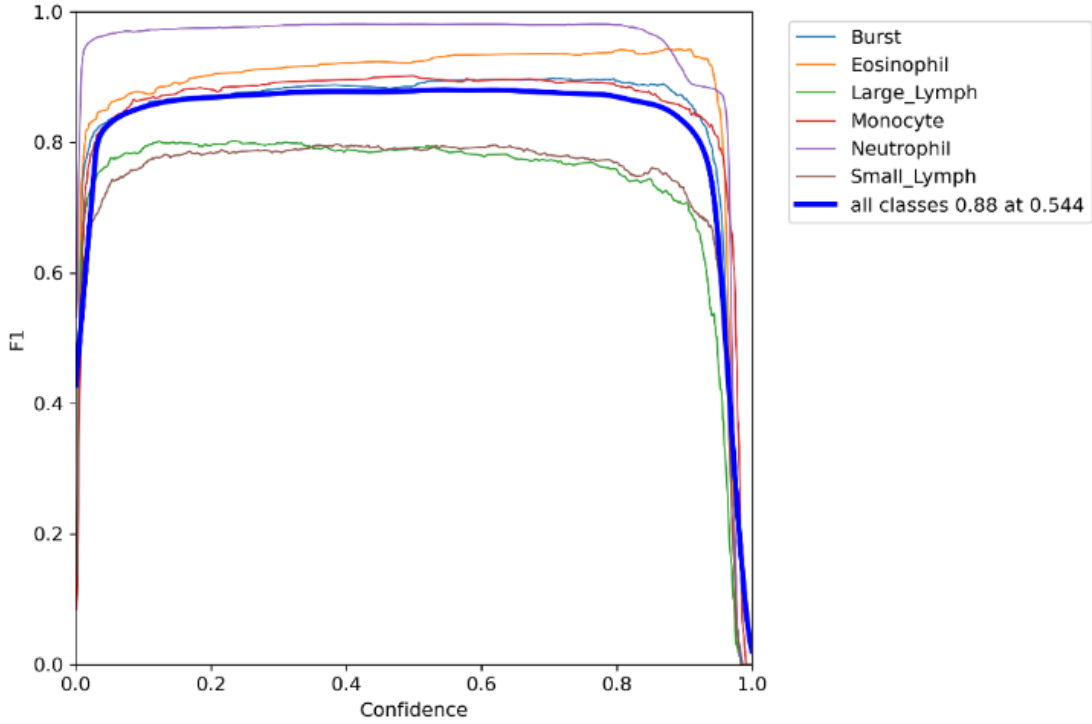
6. SONUÇ VE ÖNERİLER

Şekil 16’da Confusion Matrix sonuçları gösterilmektedir. Bu sonuçlara göre Basofil 92%, Eosinophil 93%, Large_Lymphocyte 78%, Monocyte 87%, Neutrophil 98%, Small_Lymphocyte 78% olarak doğruluk oranları belirlenmiştir.



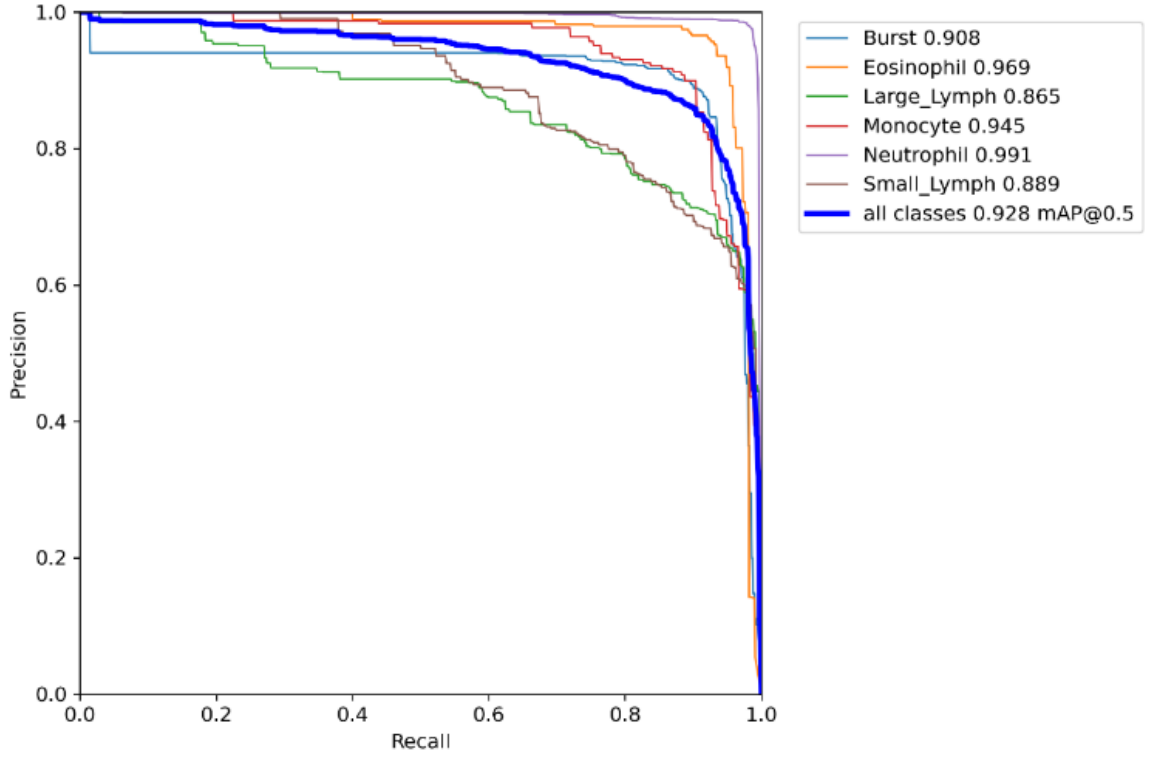
Şekil 16: Nesne tanıma sınıflarının Confusion matrix sonuçları

Şekil 17’te eğitim sonucunun F1 skor sonuçları gösterilmektedir. F1 sonuçlarının doktor doğrulamaları ile karşılaştırılması sonucu ödül kazanarak kendini geliştiren modeldir. Tüm sınıflarda en iyi 88% vee n kötü doğruluğu ise 54% olarak tespit edilmiştir.



Şekil 17: F1 skor sonuçları

PR skor sonuçları şekil 18’de gösterilmektedir. PR score sonuçları gösterilmektedir. mAP (0.5), 0.5 eşliğinde ortalama doğruluk puanını ifade etmektedir. Yüksek bir mAP değeri, modelin nesneleri doğru bir şekilde tespit etme yeteneğini gösterir. R skoru ise geri çağırma oranını ifade eder.



Şekil 18: PR skor sonuçları

Tablo 1: Nesne tanıma sınıflarının doğruluk oranları tablosu

Sınıf	Yüzdesel Doğruluk (%)	F1 Skor	P Skor	PR Skor	mAP 0.5	R Skor
Burst	92	88	99	92	0.5	99
Eosinophil	93	85	99	87	0.5	99
Large_lymphocyte	78	75	95	80	0.5	90
Monocyte	87	82	97	85	0.5	95
Neutrophil	98	90	98	92	0.5	98
Small_lymphocyte	78	54	99	60	0.5	50

Tablo 1’de Nesne tanıma sınıflarının doğruluk oranları tablosu gösterilmektedir. Sınıfı "Burst" olan örnekler için elde edilen yüzdesel doğruluk oranı %92’dir. F1 skoru 88 ve P skoru 99 olarak belirlenmiştir. Bu sonuçlar, modelin "Burst" sınıfını doğru bir şekilde sınıflandırdığını ve yüksek bir kesinlik ve geri çağırma değerine sahip olduğunu göstermektedir. "Eosinophil" sınıfı için yüzdesel doğruluk oranı %93’tür. F1 skoru 85 ve P skoru 99 olarak hesaplanmıştır. Modelin "Eosinophil" sınıfını başarılı bir şekilde tanımladığı ve yüksek bir kesinlik değerine sahip olduğu görülmektedir. "Large_lymphocyte" sınıfı için yüzdesel doğruluk oranı %78’dir. F1 skoru 75 ve P skoru 95 olarak belirlenmiştir. Bu sonuçlar, modelin "Large_lymphocyte" sınıfını daha ılımlı bir doğrulukla sınıflandırdığını ve daha düşük bir kesinlik değerine sahip olduğunu göstermektedir. "Monocyte" sınıfı için yüzdesel doğruluk oranı %87’dir. F1 skoru 82 ve P skoru 97 olarak hesaplanmıştır. Modelin "Monocyte" sınıfını doğru bir şekilde tanımladığı ve yüksek bir kesinlik değerine sahip olduğu görülmektedir. "Neutrophil" sınıfı için yüzdesel doğruluk oranı %98’dir. F1 skoru 90 ve P skoru 98 olarak belirlenmiştir. Bu sonuçlar, modelin "Neutrophil" sınıfını başarılı bir şekilde tanımladığını ve yüksek bir kesinlik değerine sahip olduğunu göstermektedir. "Small_lymphocyte" sınıfı için yüzdesel doğruluk oranı %78’dir. F1 skoru 54 ve P skoru 99 olarak hesaplanmıştır. Bu sınıf için düşük bir doğruluk oranı ve F1 skoru tespit edilmiştir, bu da modelin "Small_lymphocyte" sınıfını tanımlama konusunda zorlandığını ve daha düşük bir kesinlik değerine sahip olduğunu göstermektedir.

Sonuç olarak, Yapay Zekâ modelinizin genel olarak iyi bir performans sergilediği görülmektedir. Ancak, "Large_lymphocyte" ve "Small_lymphocyte" sınıfları için daha düşük doğruluk ve F1 skoru tespit edilmiştir. Daha düşük doğruluk ve F1 skoru değerlerine sahip olan "Large_lymphocyte" ve "Small_lymphocyte" sınıfları için aşağıdaki çözüm önerileri göz önünde bulundurulabilir:

Veri Dengeleme: Eğer bu sınıfların örneklem sayıları diğer sınıflara göre daha az ise, veri setini dengelemek için veri artırma teknikleri uygulanabilir. Bu, daha fazla "Large_lymphocyte" ve "Small_lymphocyte" örneği üretmeyi içerebilir, böylece model bu sınıfları daha iyi tanımak için daha fazla örnek üzerinde eğitilir.

Özellik Mühendisliği: Belirli sınıfların ayırt edici özelliklerini daha iyi yakalamak için özellik mühendisliği yapılabilir. Bu, eldeki özellik vektörlerine yeni özellikler

eklemek, mevcut özellikleri dönüştürmek veya özellik seçimi yöntemleri kullanmak gibi teknikleri içerebilir.

Model Ayarlamaları: Modelin hiperparametrelerini ve mimarisini ayarlamak, daha iyi sonuçlar elde etmek için faydalı olabilir. Örneğin, eğitim sürecinde kullanılan optimizasyon algoritmasını veya ağın derinliğini değiştirmek, modelin "Large_lymphocyte" ve "Small_lymphocyte" sınıflarını daha iyi sınıflandırabilmesine yardımcı olabilir.

Veri Kalitesi: Sınıfların daha iyi tanınabilmesi için veri kalitesini artırmak önemlidir. Bu, daha hassas ve doğru etiketleme süreci gerektirebilir. Ayrıca, yanlış etiketlenmiş veya gürültülü verilerin temizlenmesi veya düzeltilmesi de modelin performansını artırabilir.

Model Ensamblesi: Birden fazla modelin bir araya getirilerek bir ensemble oluşturulması, genel performansın artırılmasına yardımcı olabilir. Farklı modellerin veya ağ yapılarının kombinasyonu, daha iyi bir sınıflandırma yeteneği elde edilebilir.

Bu çözüm önerileri, "Large_lymphocyte" ve "Small_lymphocyte" sınıflarının doğruluğunu ve F1 skorunu artırmak için değerlendirilebilir. Ancak, her bir önerinin uygulanması için daha fazla araştırma ve deney yapılması önemlidir.

KAYNAKLAR

- A.M. Patil, M.D. Patil, G.K. Birajdar (2021) White Blood Cells Image Classification Using Deep Learning with Canonical Correlation Analysis. ScienceDirect ELSEVIER Dergisi 42(5):378-389
- Abdullah Elen, M. Kamil Turan (2019) Classifying White Blood Cells Using Machine Learning Algorithms. Uluslararası Mühendislik Araştırma ve Geliştirme Dergisi 11(1):141-152
- Alaa Mustafa El-Halees, Hamd Abdou Asem (2017) Blood Tumor Prediction Using Data Mining Techniques. Research Gate Dergisi 6(2)
- AS Adewoyin, B. Nwogoh, Peripheral Blood Film, African journals online (AJOL) 12(2), 2014.
- Ceyhun Artar, Abdulkadir Güçlü (2015) Sağlık İşletmelerinde Yanlış Tedavi Sonucu Hasta Mağduriyetleri Ve Hukuki Boyutunun İncelenmesi. Research Gate Dergisi
- Changhun Jung, Mohammed Abuhamad, Jumabek Alikhanov, David Mohaisen (2019) W-NET: A CNN-based Architecture for White Blood Cells Image Classification. Research Gate Dergisi
- Clark D. Russell, Arun Parajuli, Hugo J. Gale, Naomi S. Bulteel, The utility of peripheral blood leucocyte ratios as biomarkers in infectious diseases: A systematic review and meta-analysis, Elsevier, 78(5):339-348, 2019.
- Dennis B. DeNicola DVM, PhD Dipl. ACVP (2011) Advances in Hematology Analyzers. Science Direct ELSEVIER Dergisi 26(2):52-61
- Dheeraj Mundhra, Bharath Cheluvvaraju, Jaiprasad Rampure (2017) Analyzing Microscopic Images of Peripheral Blood Smear Using Deep Learning.
- Erişim tarihi: 05.06.2023
- Fahad Kamal Alsheref, Wael Hassan Gomaa (2019) Blood Diseases Detection using Classical Machine Learning Algorithms. International Journal of Advanced Computer Science and Applications 10(7)
- Fahmida Akter, Md Altab Hossin, Golam Moktader Daiyan, Md. Motaher Hossain (2018) Classification of Hematological Data Using Data Mining Technique to Predict Diseases. Scientific Research Dergisi 6(4)
- Geon Kim, YoungJu Jo, Hyungjoo Choc , Hyun-seok Minc , and YongKeun Park (2018) Learning-based screening of hematologic disorders using quantitative phase imaging of individual red blood cells. bioRxiv dergisi
- Georgy Kopanitsa, Oleg Metsker, David Paskoshev, Sofia Greschischeva (2021) Identification of Risk Factors and Prediction of Sepsis in Pregnancy Using Machine Learning Methods. Science Direct ELSEVIER Dergisi 193:393-401
- Gregor Guncar, Matjaz Kukar, Mateja Notar, Miran Brvar (2018) An application of machine learning to haematological diagnosis. Scientific Reports 8(1)
- Hafize Boyacı, Gonen Ilkar Dundar, Ilhan Kerem Senel (2021) Laboratory employees' perception of occupational risk factors. International journal of medical biochemistry ,4(2):61-6.
- Hiroyuki Takemura ,Tomohiko Ai ,Konobu Kimura,Kaori Nagasaka,Toshihiro Takahashi, Koji Tsuchiya, Haeun Yang, Aya Konishi, Kinya Uchihashi, Takashi Horii, Yoko Tabe , Akimichi Ohsaka

- (2018) Evaluation of cell count and classification capabilities in body fluids using a fully automated Sysmex XN equipped with high-sensitive Analysis (hsA) mode and DI-60 hematology analyzer system. Research Article Dergisi
- Hyeong Nyeon Kim, Mina Hur, Hanah Kim, Seung Wan Kim (2018) Performance of automated digital cell imaging analyzer Sysmex DI-60. Research Gate 56(1):94-102
- Lik Hang Lee, Adnan Mansoor, Brenda Wood, Heather Nelson (2013) Performance of CellaVision DM96 in leukocyte classification. Research Article 1(14)
- Michał Grochowski, Michał Własowicz, Agnieszka Mikołajczyk, Mateusz Ficek, Marek Kulka, Maciej S. Wróbel, Małgorzata Jędrzejewska-Szczerska (2019) MACHINE LEARNING SYSTEM FOR AUTOMATED BLOOD SMEAR ANALYSIS. Polish Academy of Science dergisi 26(1):81-93
- Mohammad Mahmudul Alam, Mohammad Tariqul Islam (2019) Machine learning approach of automatic identification and counting of blood cells. WILEY dergisi 6(4):103-108
- Monica Van Such, Robert Lohr, Thomas Beckman, James M Naessens (2017) Extent of diagnostic agreement among medical referrals. National Library Of Medicine PubMed Aug;23(4):870-874.
- Najmeddine Dhieb, Hakim Ghazzai, Hichem Besbes (2019) An Automated Blood Cells Counting and Classification Framework using Mask R-CNN Deep Learning Model. Research Gate
- Nevasoft tanıtım Videosu
https://www.youtube.com/watch?v=oSoDQoLSvZA&t=36s&ab_channel=Nevasoft
- Steve Mohr, Choong-Chin Liew, The peripheral-blood transcriptome: new insights into disease and risk assessment, Trends in Molecular Medicine, 13(10):422-432, 2007.
- Vijayarani Mohan (2015) An Efficient Clustering Algorithm for Predicting Diseases from Hemogram Blood Test Samples. Research Gate Dergisi 8(17)