



Seçilmiş Makalelerle Klinik Mikrobiyolojide Son Bir Yıl



Dr. Nuran SARI
Enfeksiyon Hastalıkları ve Klinik Mikrobiyoloji AD.
Başkent Üniversitesi



Klinik Mikrobiyolojide Son 1 yıl



PubMed® [Advanced](#) [Create alert](#) [Create RSS](#) [User Guide](#)

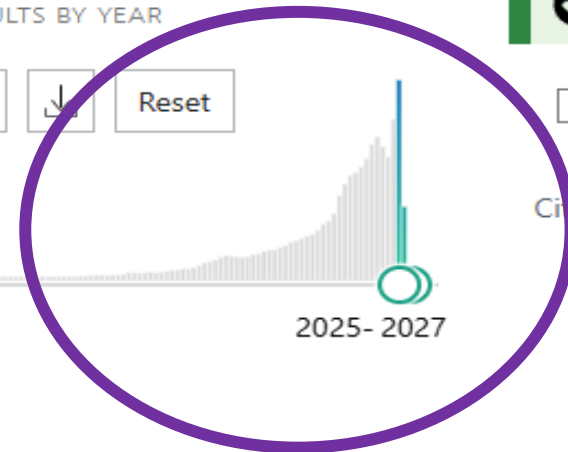
Sort by:

MY CUSTOM FILTERS
[Edit custom filters](#)

30,785 results

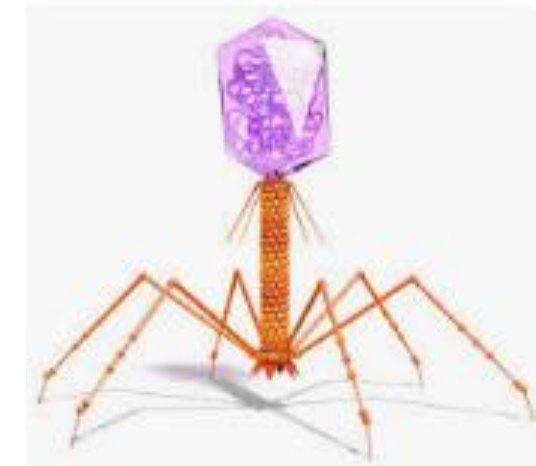
Page 1 of 3,079

RESULTS BY YEAR



Filters applied: in the last 1 year. [Clear all](#)

Artificial intelligence and its application in clinical microbiology.
Mairi A, Hamza L, Touati A.
Expert Rev Anti Infect Ther. 2025 Jul;23(7):469-490. doi: 10.1080/14787210.2025.2484284. Epub 2025 Mar 26.
PMID: 40131188 [Review](#).
Artificial intelligence (AI) offers transformative solutions, necessitating a comprehensive review of its



Klinik Mikrobiyolojide 2025-2026

Nanoteknoloji

Bakteriyofaj
tedavileri

Hızlı tanı
testleri

Criper-Cas
teknolojileri

Mikrobiyom
çalışmaları

Biyofilm
çalışmaları

Makine öğrenmesi
AI

Aşı çalışmaları

İklim değişikliği
ve antibiyotik
direnci

Commentary
Clinical adjudication approach for rapid diagnostics aiming to identify bacteria directly from blood

Sarah B. Doernberg^{1,*}, Lauren Komarow², Kerryl Greenwood-Quaintance³, Nyssa Schwager⁴, Donald Mau⁴, David Jensen⁴, Sara E. Cosgrove⁵, Scott Evans², Vance G. Fowler Jr.⁶, Robin Patel⁷, on behalf of the Antibacterial Resistance Leadership Group (ARLG)[†]

[†] Division of Infectious Diseases, Department of Medicine, University of California, San Francisco, San Francisco, CA, USA
² Division of Infectious Diseases, Johns Hopkins University School of Public Health, Johns Hopkins University, Baltimore, MD, USA

Recent advances in basic science



AI-empowered human microbiome research

Tian Zhou,^{1,2} Fangqing Zhao^{1,2,3}

► Additional supplemental material is published online only. To view, please visit the journal online (<https://doi.org/10.1186/s12879-025-02616-1>)

ABSTRACT
 Recent advances in high-throughput microbiome profiling have generated expansive data sets that offer unprecedented opportunities to investigate the role of

KEY MESSAGES

⇒ Artificial intelligence (AI) offers a paradigm shift from traditional microbiome analysis, enabling

CRISPR-Cas-based diagnostics for point-of-care detection of sexually transmitted infections: a laboratory development and evaluation study

Soo Jen Low*, Matthew T O'Neill*, Janath A Fernando, William J Kerry, Jacqueline Prestedge, Natasha Wild, Simran Chahal, Georgina L Pallock, Georgina Papadakis, Marcelina Krysiak, Eloise Williams, Francesca Azzato, Thomas Tran, Christopher Fairley, Catriona Bradshaw, Marcus Y Chen, Chuan K Lim, Deborah A Williamson*, Shivani Pasricha*

Summary

Point-of-care diagnosis of sexually transmitted infections (STIs) is crucial for enabling prompt transmission. We aimed to develop a portable, multiplexed, CRISPR-based assay panel for *Neisseria gonorrhoeae* (including the ciprofloxacin resistance marker *gyrA* S91F), *Chlamydia trachomatis*, and herpes simplex virus (HSV).

Lancet Microbe 2026
 Published Online
<https://doi.org/10.1016/j.lanmic.2025.101289>
 *Contributed equally

nature communications

Article <https://doi.org/10.1038/s41467-025-66183-z>

CarbaDetector: a machine learning model for detecting carbapenemase-producing Enterobacterales from disk diffusion tests

Received: 9 May 2025

Accepted: 30 October 2025

Global antibiotic resistance surveillance report 2025

Summary

WHO Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS)



Original article
Noninvasive diagnosis of pulmonary tuberculosis using face mask sampling: a prospective study in adults

Dariusz Woelk^{1,2}, Lennard Meiwes^{1,2,3,4}, Nelly Ciobanu⁴, Valeriu Crudu⁴, Iuliana Vasiliu^{1,2,6}, Thomas Theo Brehm^{1,2,7,8}

¹ Germany, ² Lübeck-Borstel-Riems, Germany, ³ Germany, ⁴ many, ⁵ Chişinău, Republic of Moldova, ⁶ of Medicine and Pharmacy, Chişinău, Republic of Moldova, ⁷ in, TX, USA, ⁸ nter Hamburg-Eppendorf, Hamburg, Germany

Original article
Nanomotion-based technology for rapid antibiotic susceptibility testing among adult patients admitted to a tertiary-care hospital with Gram-negative bacteraemia: a prospective, single arm, comparative diagnostic accuracy study

BMC Infectious Diseases

<https://doi.org/10.1186/s12879-026-13144-6>

Article in Press

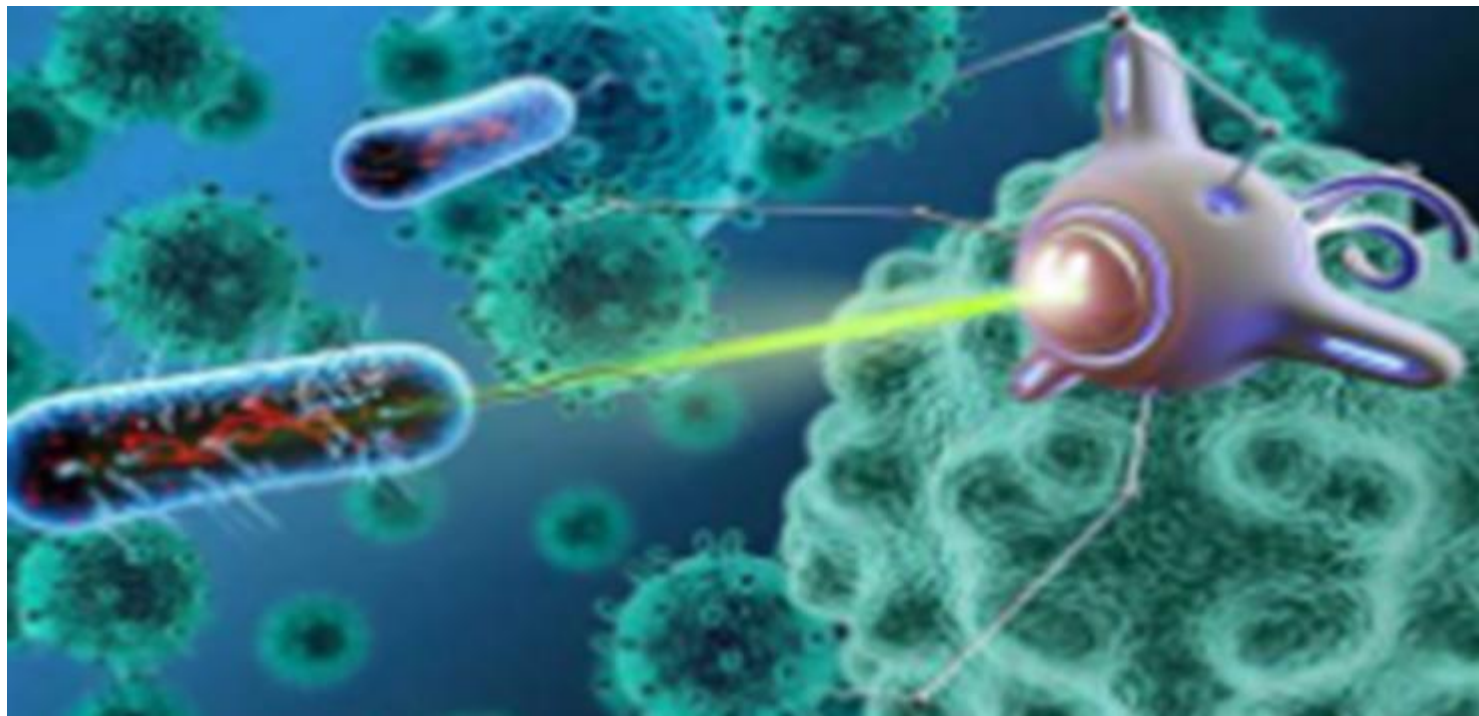
Impact of molecular rapid diagnostic testing on clinical outcomes in bloodstream infections: a meta-analysis

Received: 23 June 2025

Bangyao Zhou, Zhixiong Chen, Hongyi Zhu, Baihui Chen, Jing Fang & Xiaomin Jin



led diagnostic methods for pulmonary tuberculosis (TB), including culture and on tests, provide high sensitivity and specificity. However, these methods rely on



Original article

Nanomotion-based technology for rapid antibiotic susceptibility testing among adult patients admitted to a tertiary-care hospital with *Gram*-negative bacteraemia: a prospective, single arm, comparative diagnostic accuracy study

Giorgia Caruana^{1,2}, Antonios Kritikos^{1,3}, Anthony Vocat^{1,4}, Florian Tagini^{1,5}, Alexandre Delfino¹, Amanda Luraschi^{1,4}, Eric Delarze⁴, Pla Verge Marta⁴, Julie Delaloye⁶, Damien Jacot¹, Jan Winnicki⁴, Clara Orlando⁴, Alexander Sturm⁴, Grzegorz Jóźwiak⁴, Danuta Cichocka⁴, Gilbert Greub^{1,5,*}

¹ Institute of Microbiology, Department of Laboratory Medicine & Pathology, University Hospital, Lausanne, Switzerland

² Infectious Diseases Unit, Department of Medicine, Cantonal Hospital of Sion and Institut Central des Hôpitaux, Sion, Switzerland

³ Infectious Diseases Unit, Department of Medicine, HFR Fribourg Hospital, Fribourg, Switzerland

⁴ Resistell, Microbiology Section, Muttenz, Switzerland

⁵ Infectious Diseases Unit, Department of Internal Medicine, University Hospital, Lausanne, Switzerland

⁶ Infectious Diseases Unit, Department of Internal Medicine, University Hospital, Lausanne, Switzerland

Nanomotion-based technology for rapid antibiotic susceptibility testing among adult patients admitted to a tertiary-care hospital with Gram-negative bacteraemia: a prospective, single arm, comparative diagnostic accuracy study



İsviçre Lozan Üniversitesi
1200 yataklı
3. Basamak Merkez



Prospektif
Haziran 2021-Şubat 2024



Kan kültürü pozitif
E. coli
K. pneumoniae



Kirby-Bauer (Disk difüzyon)
VİTEK-2 (Biomerieux)
Resistell Phenotech karşılaştırması



Kan kültürü-
Bakteri üremesi 8-46 saat

- Sepsis ve septik şokta etkin antibiyotik verilmesindeki her saat gecikme mortaliteyi artırır

- Mevcut yöntemler bakterinin gözle görülebilen üremesine bağlı
- 2-7 sa sonuç verebilse de evrensel değil

Klasik Yöntem ve Nanoteknoloji

Mevcut yöntem



Mekanizma: Bakteriyel çoğalma

Süre: 8-46 saat

Sınırlama: Fenotipik değişimin gözle görülmesi zaman alır

Resitell Phenotech

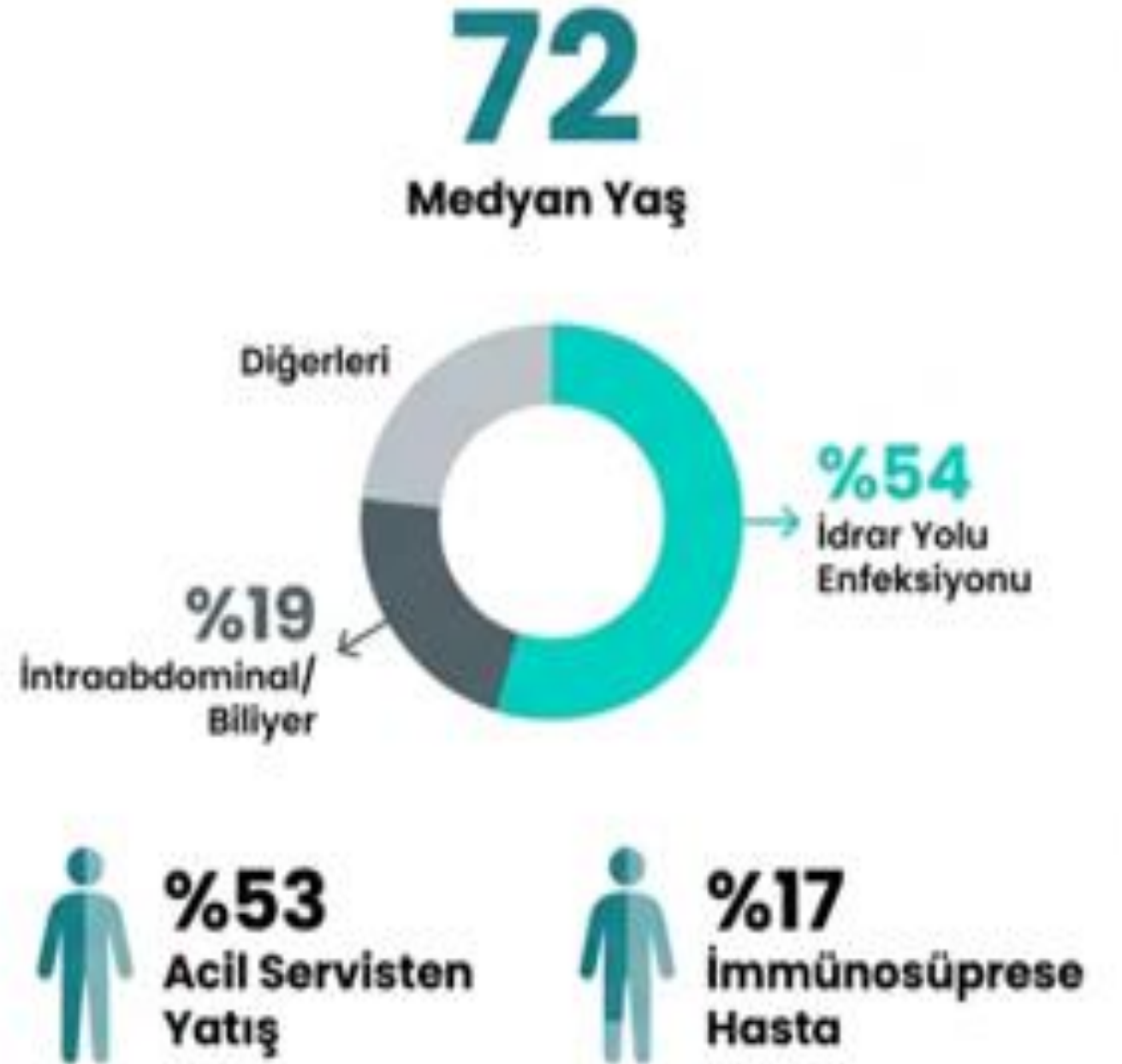
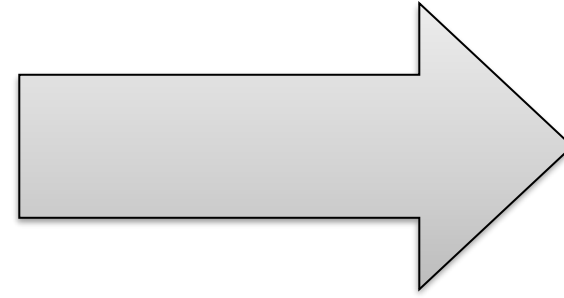
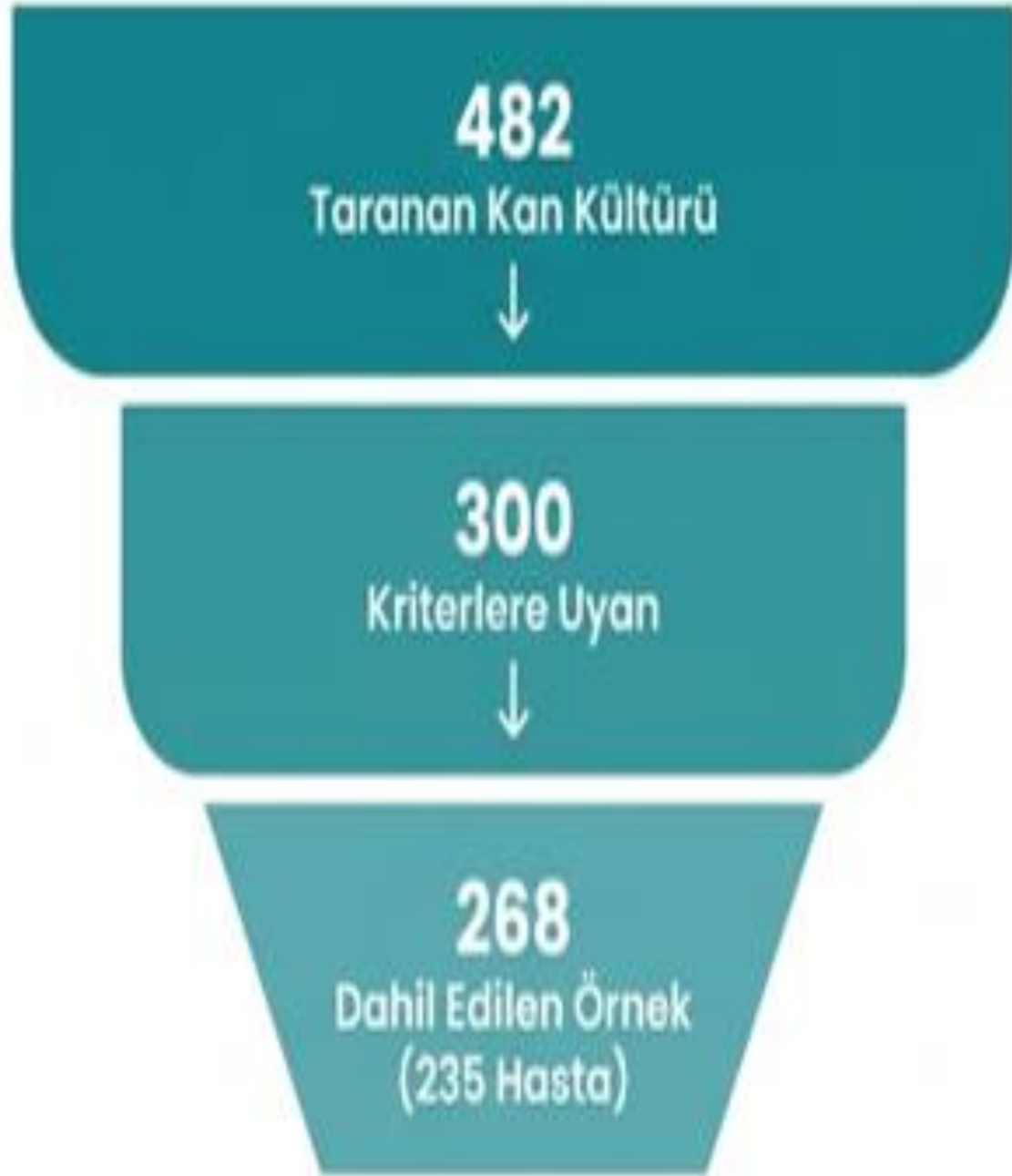


Mekanizma: Canlı hücrelerin metabolik titreşimlerinin (nano-hareket) makine öğrenimi ile analizi

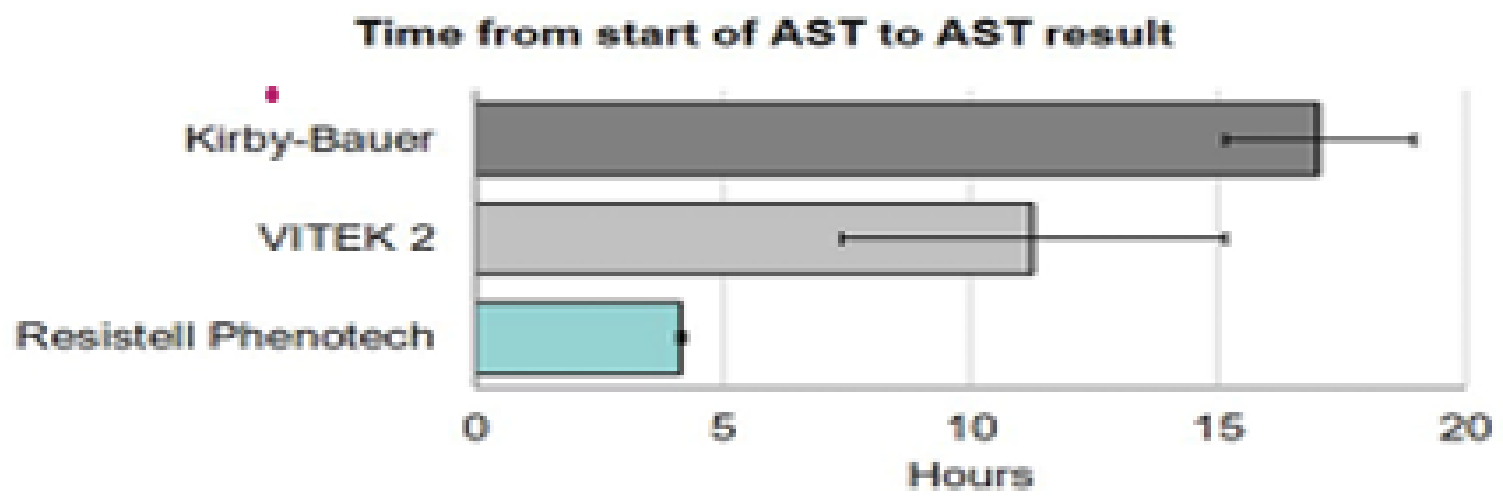
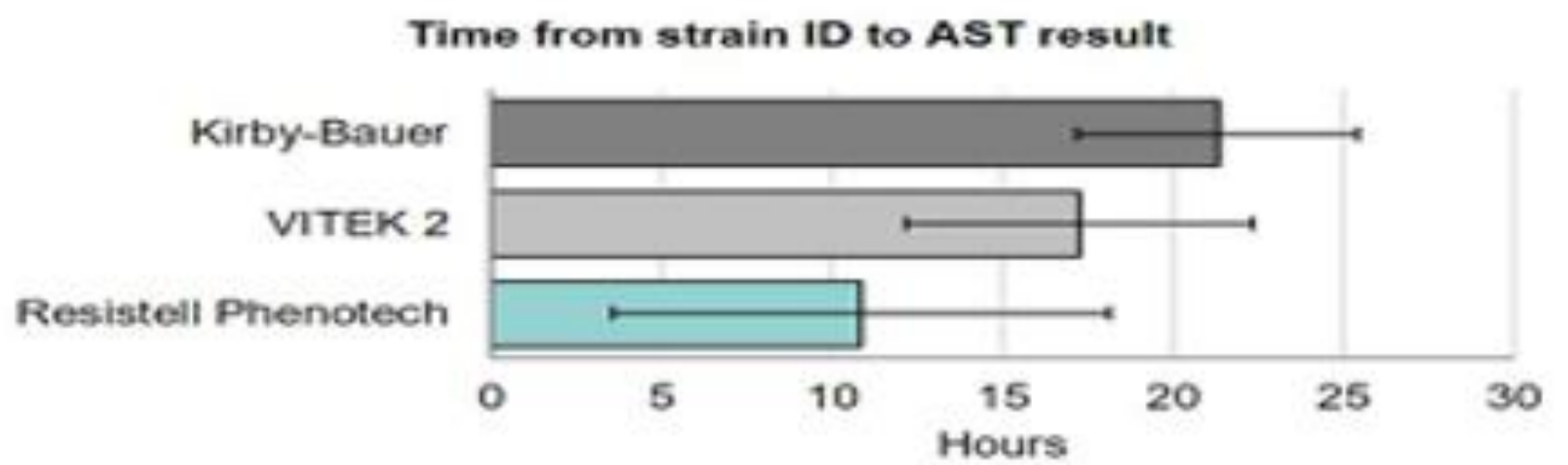
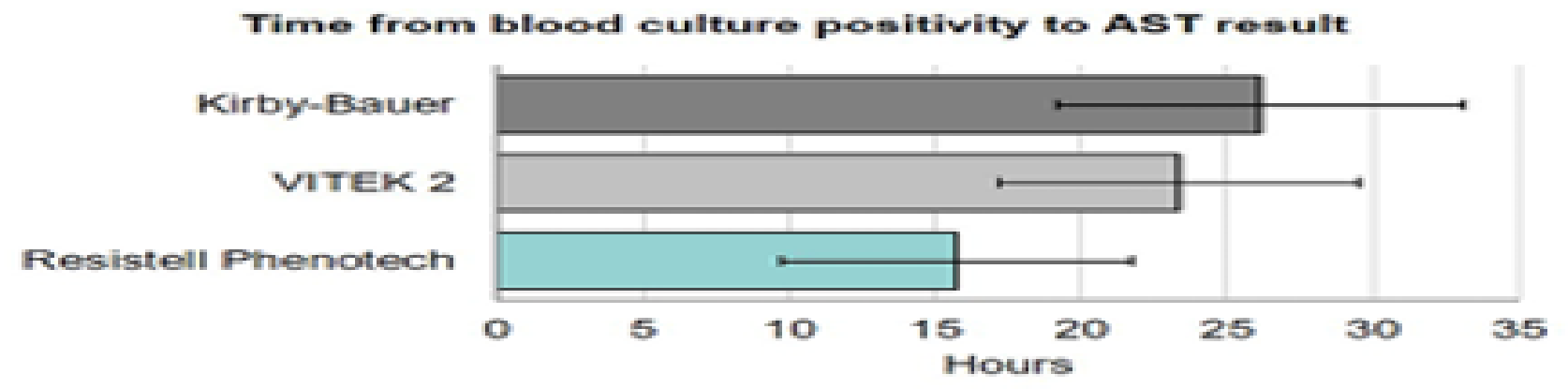
Süre: 4 saat

Avantaj: Bakteri üremesini beklemeye gerek kalmadan canlılık durumunu saptama

Hastaların özellikleri



Test sonuçları



Kan kültürü pozitifliğinden antibiyotik duyarlılık testi sonucuna kadar geçen süre



Seftriakson



E. coli

%99.0 (Kirby-Bauer) /
%98.6 (VITEK 2)



K. pneumoniae

%100 Uyum
(Her iki referansa karşı)

Hata Oranları (MD / VMD)



Sıfır Major Hata (MD) - Duyarlı olan hiçbir bakteriyeye dirençli denilmedi. (Duyarlılık: %100)



Seftriakson (Hücre Duvarı Yıkımı)



Bakteriyi fiziksel olarak patlatır. Hareket (nanomotion) anında ve dramatik şekilde sifıra iner. Algoritma bunu tespit etmekte kusursuzdur.

Siprofloksasin

- E. Coli siprofloksasin %91 uyumlu (%94 duyarlı, %83 özgüllük)

Siprofloksasin (DNA Replikasyonu İnhibisyonu)



Bakteri bölünemez ama yaşamaya/titreşmeye bir süre daha devam edebilir. Kalan bu 'artık titreşim', sensörlerin ölümü anında algılamasını zorlaştırarak yanlış pozitif okumalara sebep olabilir.



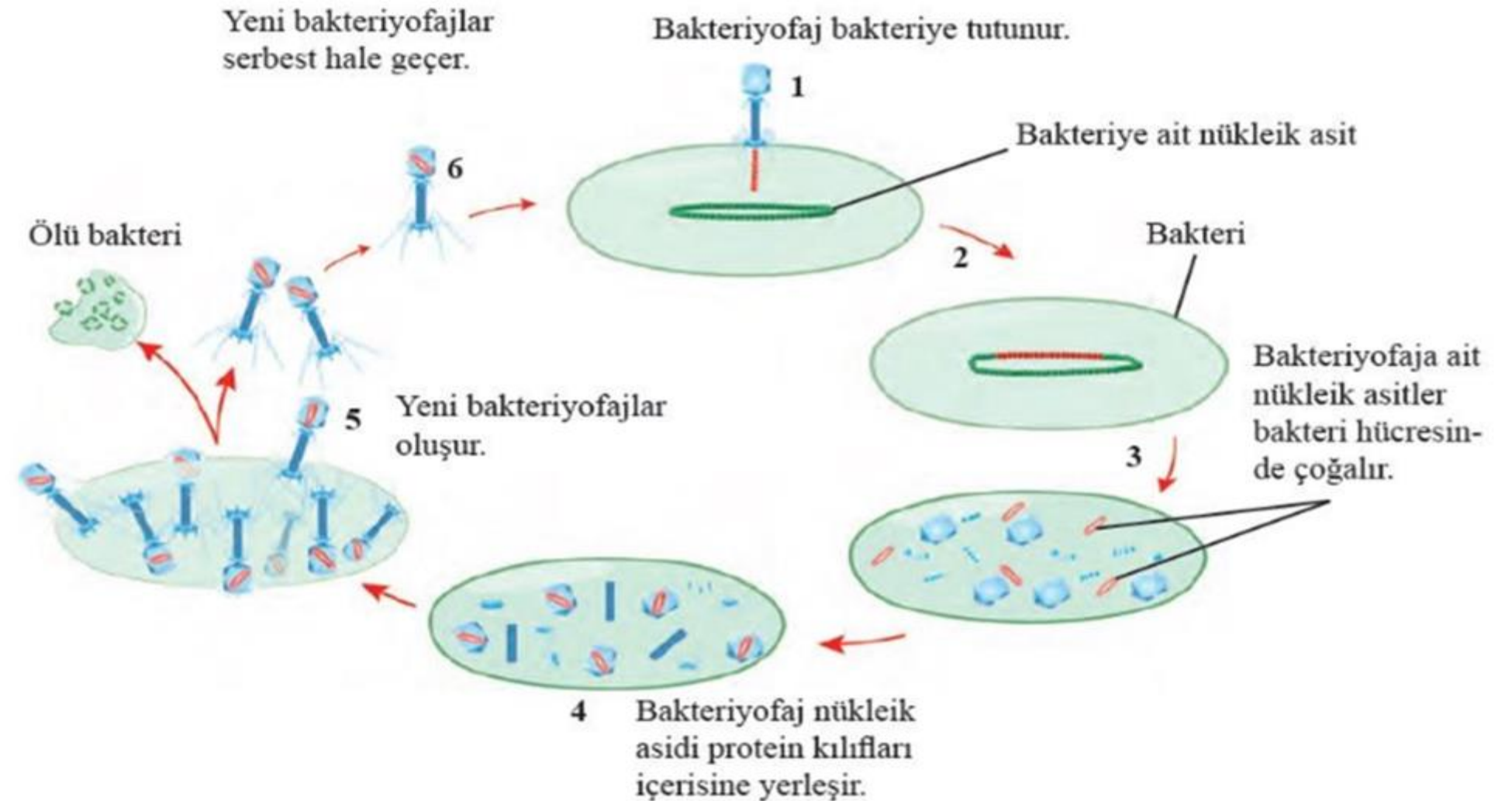
- Nanomotion büyümeyi bekleyen mikrobiyoloji dönemini kapatıp, hücresel titreşimleri okuduğumuz yeni ve hızlı dönemin kapısını aralıyor
 - Çoklu etken ve çoklu antibiyotiklerle ileri çalışmalar yapılmalı
 - Bakteriyemi dışı enfeksiyonlarda hızlı etken tanımlamalar çalışılmalı

Personalized inhaled bacteriophage therapy for treatment of multidrug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* in cystic fibrosis

Nature Medicine | Volume 31 | May 2025 | 1494–1501

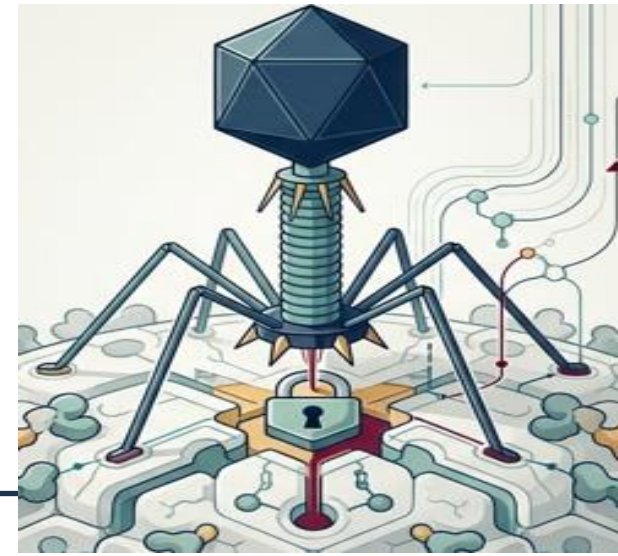
Benjamin K. Chan^{1,2,18}, Gail L. Stanley^{2,3,18}, Kaitlyn E. Kortright^{1,2,18}, Albert C. Vill^{1,2}, Mrinalini Modak⁴, Isabel M. Ott^{1,2}, Ying Sun^{2,3}, Silvia Würstle^{2,5}, Casey N. Grun⁶, Barbara I. Kazmierczak⁶, Govindarajan Rajagopalan^{2,3}, Zachary M. Harris³, Clemente J. Britto³, Jill Stewart³, Jaideep S. Talwalkar^{7,8}, Casey R. Appell⁹, Nauman Chaudary¹⁰, Sugeet K. Jagpal¹¹, Raksha Jain¹², Adaobi Kanu¹³, Bradley S. Quon¹⁴, John M. Reynolds¹⁵, Charlotte C. Teneback¹⁶, Quynh-Anh Mai², Veronika Shabanova^{2,8}, Paul E. Turner^{1,2,17} & Jonathan L. Koff^{2,3}✉

¹Department of Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, New Haven, CT, USA. ²Center for Phage Biology and Therapy, Yale University,



Personalized inhaled bacteriophage therapy for treatment of multidrug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* in cystic fibrosis

Nature Medicine | Volume 31 | May 2025 | 1494-1501



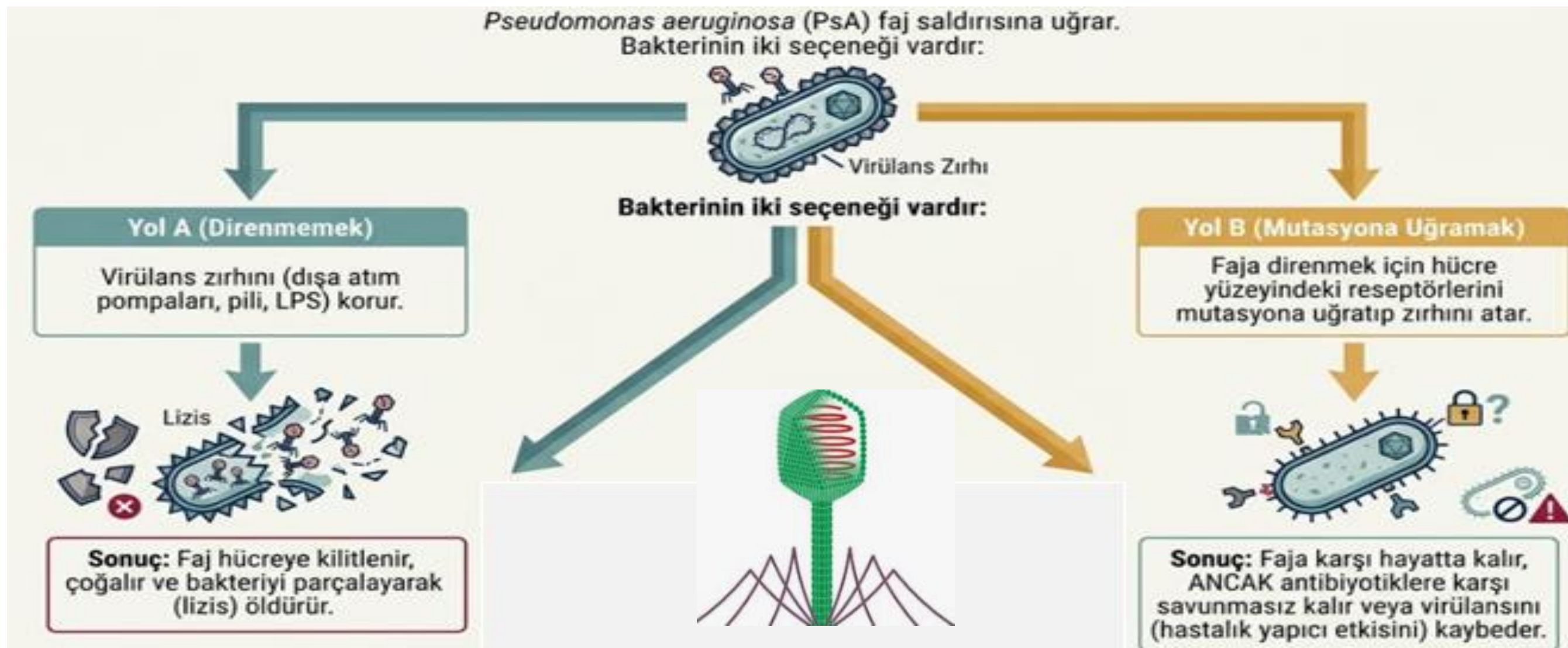
- Yale Üniversitesi standart antibiyotiklere yanıt vermeyen dokuz Kistik fibrozisli çoklu ilaca dirençli *Pseudomonas aeruginosa* enfeksiyonlu hastada,
- Yale Faj kütüphanesinden, kişiselleştirilmiş **nebulize faj tedavisi**, seçilmiş **faj kokteylleri** planlanmıştır.
- Öncesinde hasta yazılı onamı, kurum ve FDA onayları alınmıştır
- Tedavi sonucunda balgamındaki bakteri yoğunluğunun önemli ölçüde azalma
- **Akciğer fonksiyonlarında** belirgin bir iyileşme kaydedildiği saptanmıştır.

Personalized inhaled bacteriophage therapy for treatment of multidrug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* in cystic fibrosis

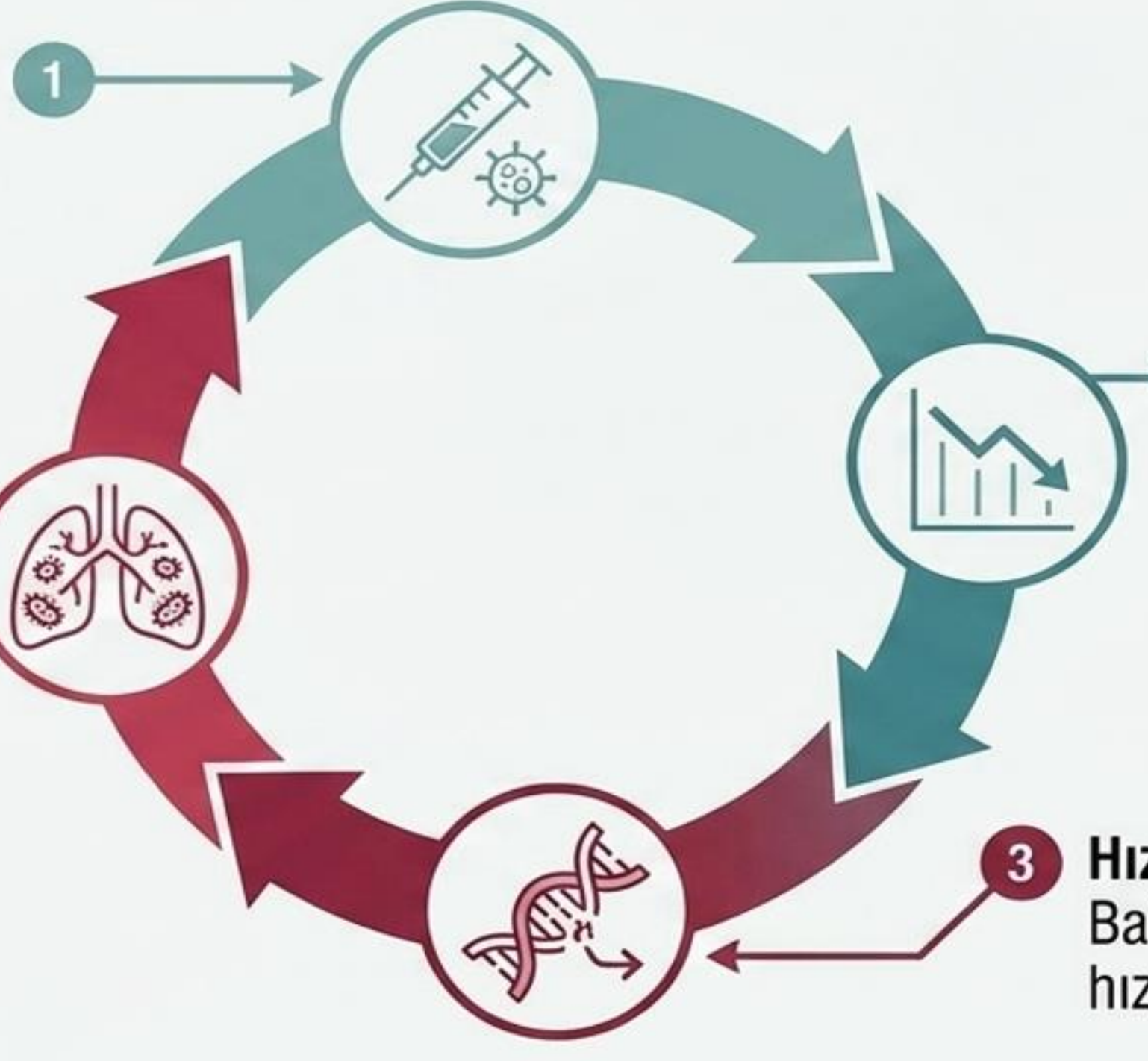
Nature Medicine | Volume 31 | May 2025 | 1494–1501

Benjamin K. Chan^{1,2,18}, Gail L. Stanley^{2,3,18}, Kaitlyn E. Kortright^{1,2,18}, Albert C. Vill^{1,2}, Mrinalini Modak⁴, Isabel M. Ott^{1,2}, Ying Sun^{2,3}, Silvia Würstle^{2,5}, Casey N. Grun⁶, Barbara I. Kazmierczak⁶, Govindarajan Rajagopalan^{2,3}, Zachary M. Harris³, Clemente J. Britto³, Jill Stewart³, Jaideep S. Talwalkar^{7,8}, Casey R. Appell⁹, Nauman Chaudary¹⁰, Sugeet K. Jagpal¹¹, Raksha Jain¹², Adaobi Kanu¹³, Bradley S. Quon¹⁴, John M. Reynolds¹⁵, Charlotte C. Teneback¹⁶, Quynh-Anh Mai², Veronika Shabanova^{2,8}, Paul E. Turner^{1,2,17} & Jonathan L. Koff^{2,3}✉

¹Department of Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, New Haven, CT, USA. ²Center for Phage Biology and Therapy, Yale University,



Standart Tedavi:
Fajlar enfeksiyon bölgesine uygulanır.

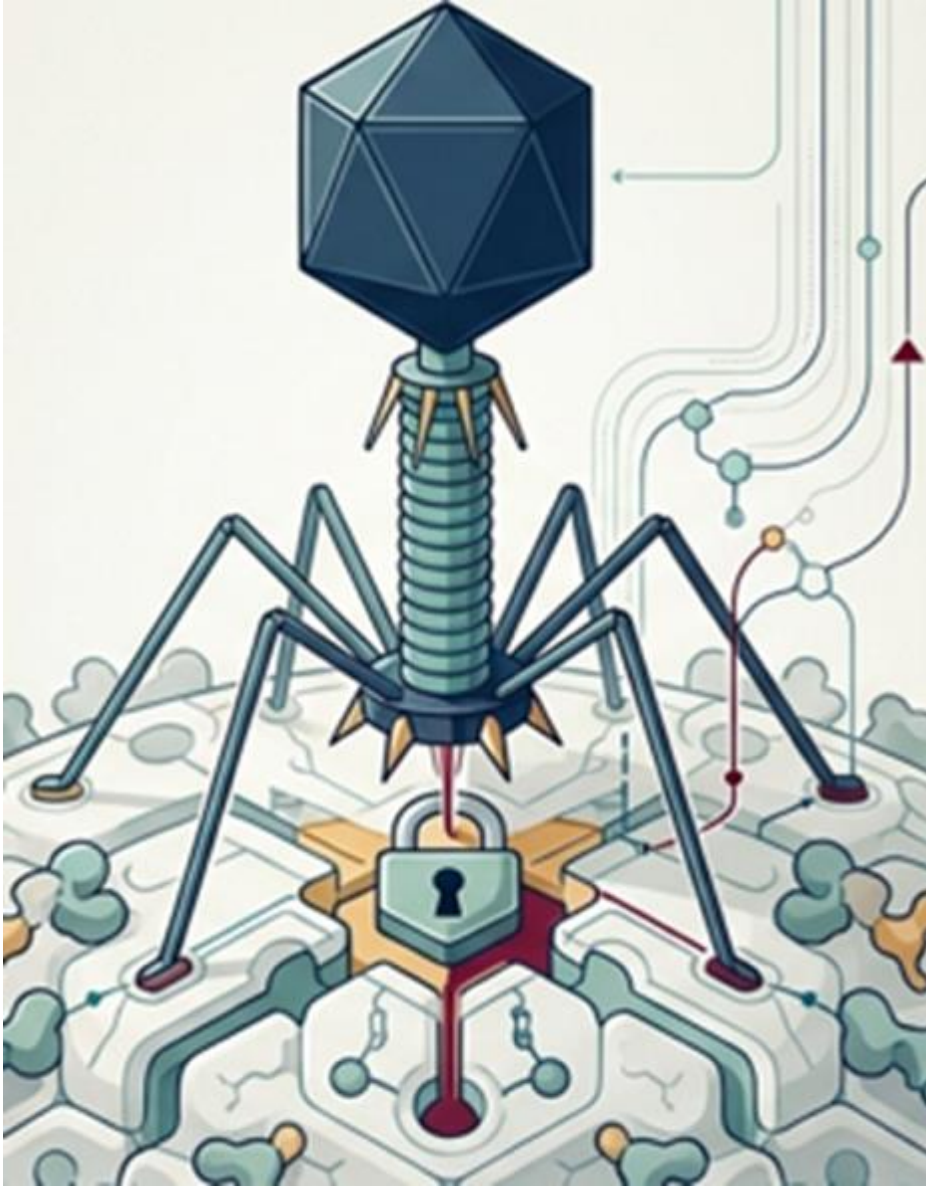


2 Geçici Başarı:
Bakteri yükü kısa süreliğine düşer.

3 Hızlı Mutasyon:
Bakteriler faja karşı hızla direnç geliştirir.

4 Kaçınılmaz Nüks:
Dirençli bakteri popülasyonu yeniden çoğalır ve enfeksiyon geri döner.

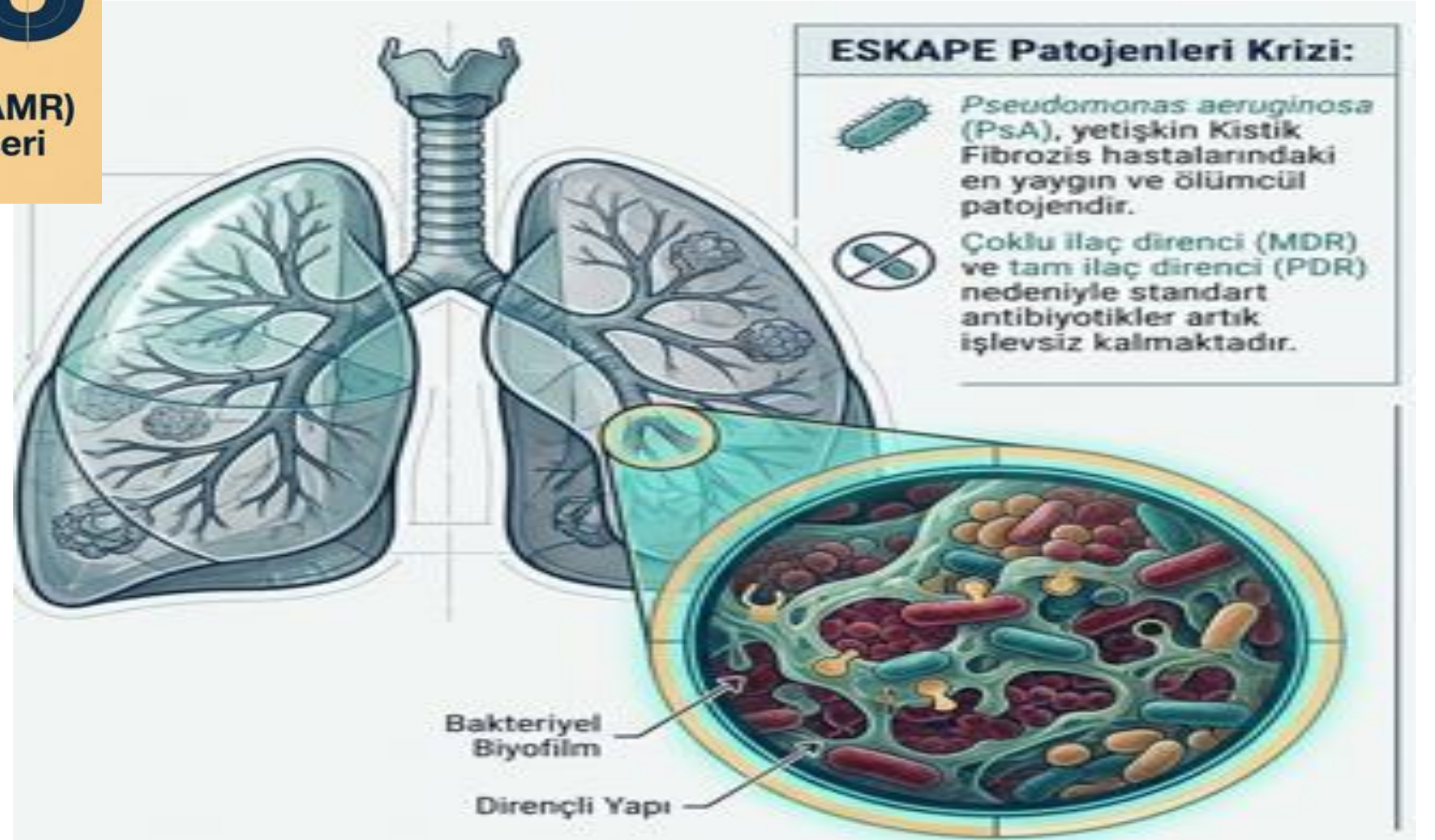
Geleneksel faj tedavilerindeki temel sorun, bakterilerin evrimsel adaptasyon hızının basit hücre lizisini boşa çıkarmasıdır.



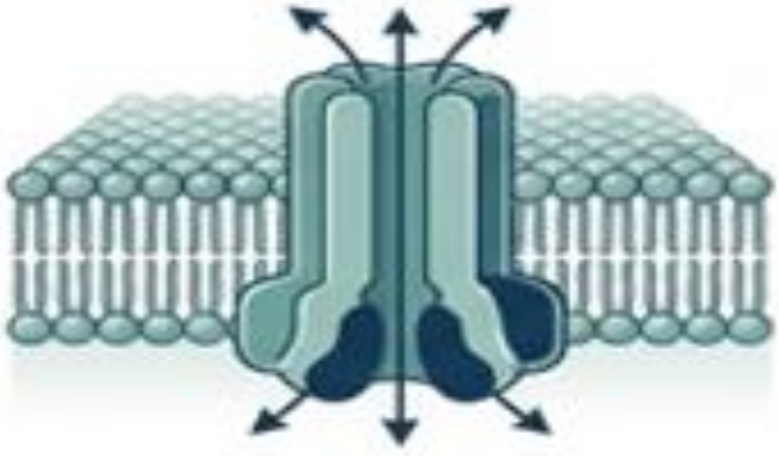
- Genetik analizler, hayatta kalan bakterilerin fajlara direnç kazanırken eş zamanlı olarak virülanlarını kaybettiklerini veya antibiyotiklere karşı yeniden hassas hale geldiklerini göstermektedir.
- Akciğerdeki doğal mikrobiyom çeşitliliğini bozmadan sadece hedef patojene odaklandığı gözlemlenmiştir.
- Faj terapisinin dirençli enfeksiyonların yönetiminde güvenli ve etkili bir yardımcı tedavi seçeneğidir.

2050

Antimikrobiyal direnç (AMR) kaynaklı ölümlerin kanseri geçmesi beklenen yıl.



Kullanılan Fajlar

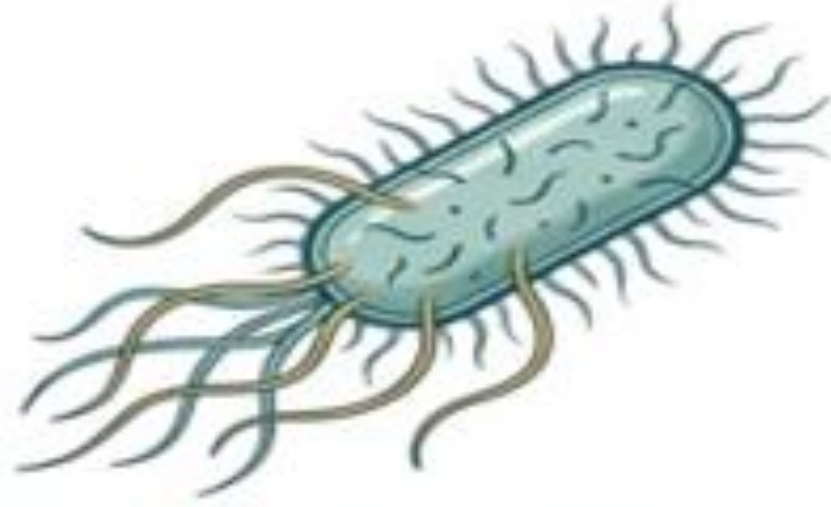


OMK01 Fajı

Biyolojik Hedef:
Mex Çoklu İlaç Dışa Atım Pompaları

Evrimsel Bedel:
Faja direnen bakteri pompayı kaybeder.

**Antibiyotiklere
Yeniden Duyarlılık**

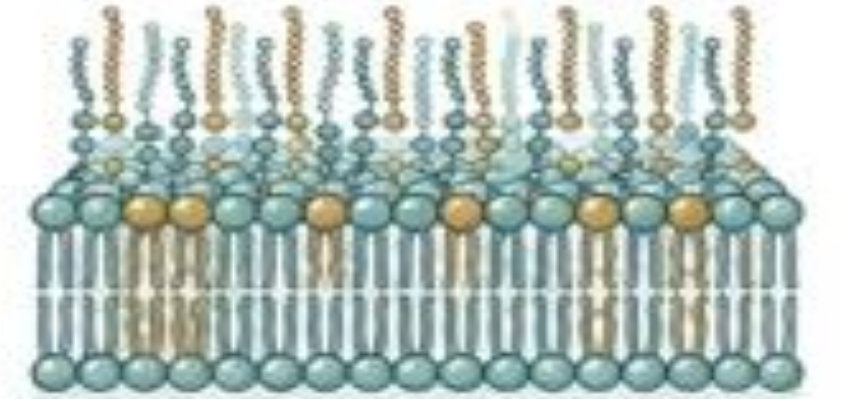


TIVP-H6 Fajı

Biyolojik Hedef:
Tip-IV Pili (TIVP)

Evrimsel Bedel:
Faja direnen bakteri pilisini kaybeder.

**Azalmış Tutunma ve
Piyosiyanın Üretimi**



LPS-5 Fajı

Biyolojik Hedef:
Lipopolisakkarit (LPS) katmanı

Evrimsel Bedel:
Faja direnen bakteri LPS yapısını bozar.

**Azalmış Elastaz ve
Virülans**



Demografi

9 Yetişkin Kistik Fibrozis Hastası
(8 Kadın, 1 Erkek)

Medyan Yaş: 32 (Aralık 22-46)



Patojen Profili

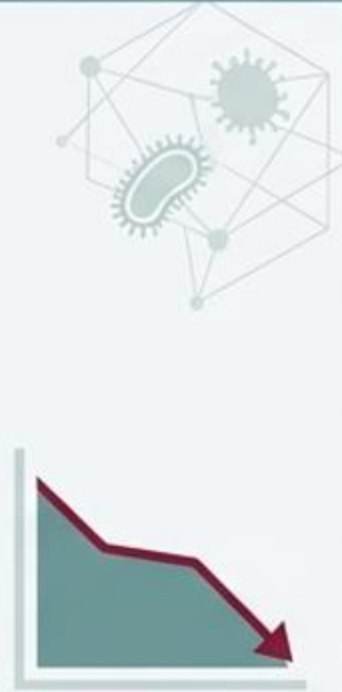
7 hastada MDR (Çoklu İlaç Dirençli)
2 hastada PDR (Tam İlaç Dirençli) PsA
Tüm hastalar standart antibiyotiklere
yanıtsız



Klinik Tablo

Hastaların tamamında yılda >4
pulmoner alevlenme

6 hastanın başlangıç solunum
kapasitesi (FEV1) <%30 gibi kritik
bir seviyede



Ek Komplikasyonlar



Pankreatik
yetmezlik



Düşük VKİ



KF'ye bağlı
diyabet

Metodoloji



Adım 1: İzolasyon ve Tarama

Hastanın balgamından PsA izole edilir.
En uygun etkiyi yaratacak fajlar
(OMKO1, TIVP-H6, LPS-5) laboratuvar
ortamında taranarak seçilir.



Adım 2: Kişiselleştirilmiş Formülasyon

Hastaya özel tekli faj veya faj kokteyli
hazırlanır. Konsantrasyon, balgamdaki
bakteri yoğunluğunun en az 10 katı
olacak şekilde ayarlanır.



Adım 3: Lokal Uygulama

Standart kompresörlü nebulizör (jet
nebulizör) kullanılarak 7-10 gün
boyunca günde 1 veya 2 kez doğrudan
akciğerlere solutulur.

Bakteriyofaj + antibiyotik tedavileri

Table 2 | Personalized phage therapy

Patient	Design	Phage	Phage sensitivity		Antibiotics		Nebulizer	CFU ml ⁻¹			ppFEV ₁	
			Pre	Post	Pre	Post		Pre	Post (14 days)	Post (30 days)	Pre	Post
1	Cocktail	OMKO1	○○○	●●●	Levofloxacin*, colistin (IV)*	None	PARI	4.6 × 10 ⁸	5.5 × 10 ⁶	NA	71%	77%
		TIVP-H6	○○○	●●●								
		LPS-5	○○○	●●●								
z												
2	Single	TIVP-H6	○○○○	○●●	Piperacillin-tazobactam*	None	Hudson RCI filtered; ISO-Neb; PARI; DeVilbiss 5650D	2.3 × 10 ⁷	4.0 × 10 ⁵	2.0 × 10 ⁴	21%	23%
z												
3	Cocktail	OMKO1	○○○	○●●	Meropenem*, colistin (IV)*	None	PARI	7.8 × 10 ⁷	1 × 10 ²	NA	36%	42%
		TIVP-H6	○○○	○●●								
		LPS-5	○○○	○●●								
z												
4	Single	LPS-5	○○○○○	○○●●●	Meropenem-vaborbactam*, colistin (IV)*	Ceftazidime-avibactam	Hudson RCI filtered; ISO-Neb; PARI	6.7 × 10 ⁸	1.8 × 10 ⁴	2.7 × 10 ⁷	20%	24%
z												
5	Single	LPS-5	○○○○○	○○●●●	Ciprofloxacin, tobramycin (INH)	None	Hudson RCI filtered; ISO-Neb; PARI	1.3 × 10 ⁶	7.8 × 10 ⁴	9.7 × 10 ²	45%	63%
z												
6	Cocktail	TIVP-H6	○○○○○	○○○●●	Aztreonam (INH), amikacin (INH)*, colistin (IV)*	None	CareFusion AirLife	8.4 × 10 ⁸	6.22 × 10 ⁷	5 × 10 ⁷	28%	30%
		LPS-5	○○○○●	○○○○●								
z												
7	Cocktail	TIVP-H6	○○○	○●●●●	Ceftolozane-tazobactam, tobramycin (IV), aztreonam (INH)*, colistin (INH)*	Ceftazidime-avibactam, tobramycin (IV)	CareFusion AirLife	2.6 × 10 ⁸	1.4 × 10 ⁴	7.6 × 10 ²	25%	31%
		LPS-5	○○○	○●●●●								
z												
8	Cocktail	TIVP-H6	○○○	●●●	Cefepime, colistin (IV)	None	Hudson RCI filtered; ISO-Neb; PARI	2.8 × 10 ⁸	2.6 × 10 ⁴	4.5 × 10 ⁴	52%	71%
		LPS-5	○○○	●●●								
z												
9	Cocktail	TIVP-H6	○○○○○	○○○●●	Ceftazidime-avibactam, colistin (IV)	None	Hudson RCI filtered; ISO-Neb; PARI	7.6 × 10 ⁷	7.0 × 10 ⁵	7.8 × 10 ⁵	38%	43%
		LPS-5	○○○○○	○○○●●								

INH, inhaled; NA, data not available. *Administered during phage therapy. Phages OMKO1, TIVP-H6 and LPS-5 were evaluated for infectivity to sputum PsA isolates, and phages selected for personalized therapy are shown for each patient. Sensitivities are shown for isolates taken from sputum before and after therapy (empty circles indicate phage sensitivity and filled circles indicate phage resistance for individual isolates). Phage(s) were inhaled for 7–10 days. Antibiotics listed were administered <30 days before phage therapy, during phage therapy and <30 days after phage therapy. PsA was measured before and after therapy (15–42 days (average 22.7, median 20)) after completion of phage therapy. Lung function was monitored with spirometry before and after phage therapy.

Mikro Kanıt: Antibiyotik Duyarlılığının Geri Dönüşü

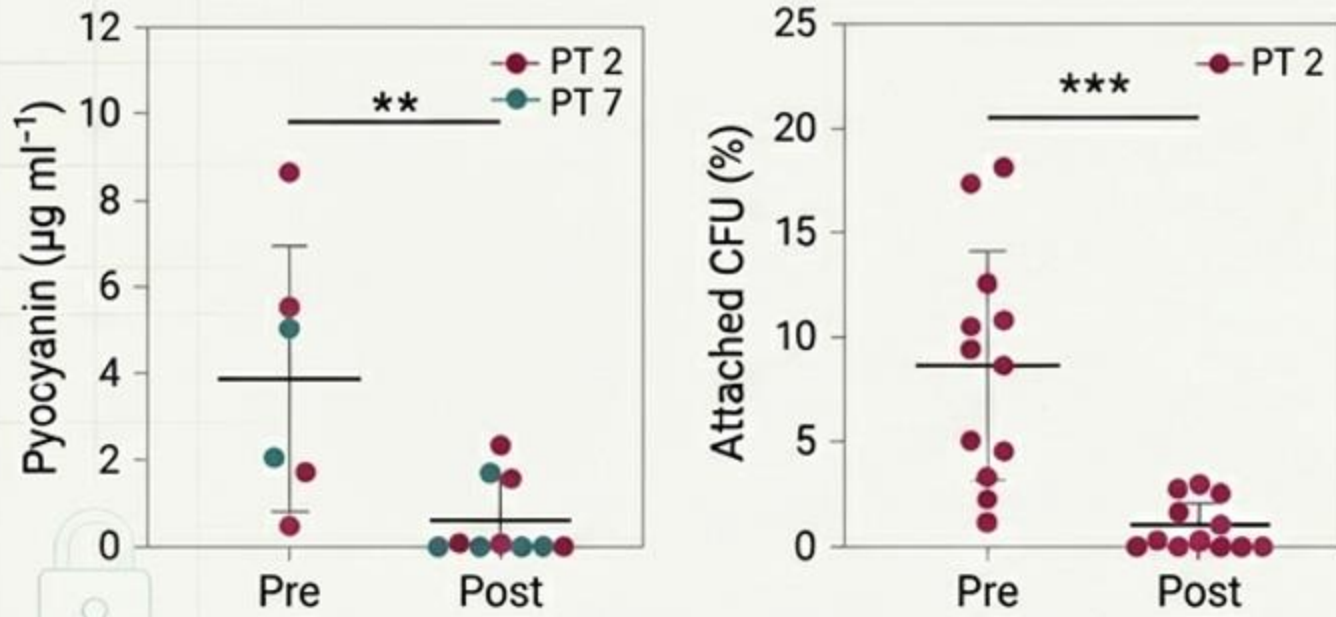
OMKO1 faji alan hastalarda, faja direnmek için hücre dışı atım pompalarını mutasyona uğratan bakteriler kendi savunmalarını yok etti.

	Tedavi Öncesi		Tedavi Sonrası		
	Patient 1	Patient 3	Patient 1	Patient 3	
İmipenem	Dirençli	Dirençli	Duyarlı	Duyarlı	Dirençli
Seftazidim	Dirençli	Dirençli	Duyarlı	Duyarlı	Duyarlı
Amikasin	Dirençli	Dirençli	Duyarlı	Duyarlı	Duyarlı

Sonuç: Önceden tamamen işlevsiz olan standart antibiyotikler, faj tedavisinin açtığı yol sayesinde yeniden kullanılabilir hale geldi.

Silahsızlandırma 1: Tutunma ve Toksin

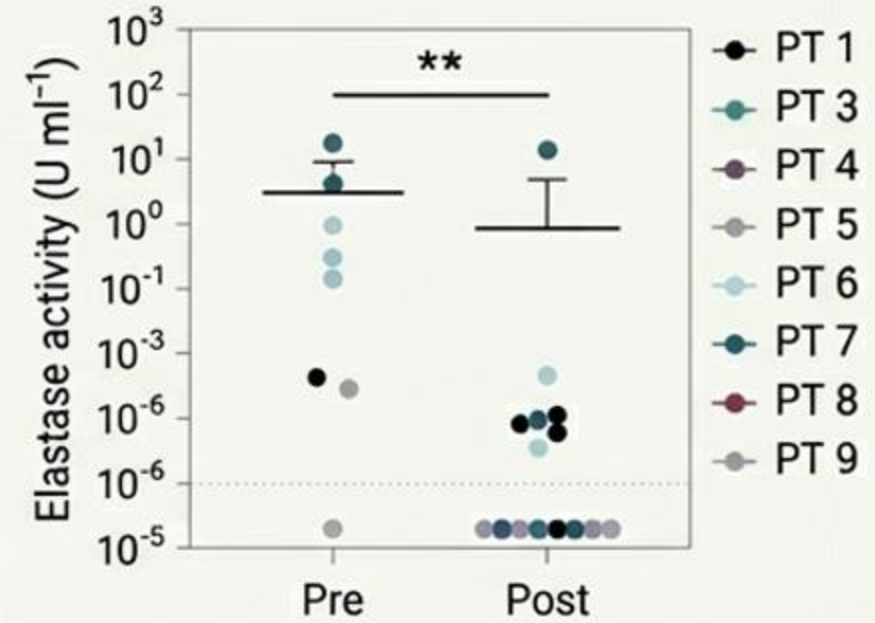
Hedef: TIVP-H6 kullanan hastalar.



Bulgu: Akciğer epitel hücrelerine tutunma oranında belirgin düşüş ($P=0.0005$). Hücre hasarı yaratan piyosiyenin salgısında istatistiksel azalma.

Silahsızlandırma 2: Doku Yıkımı

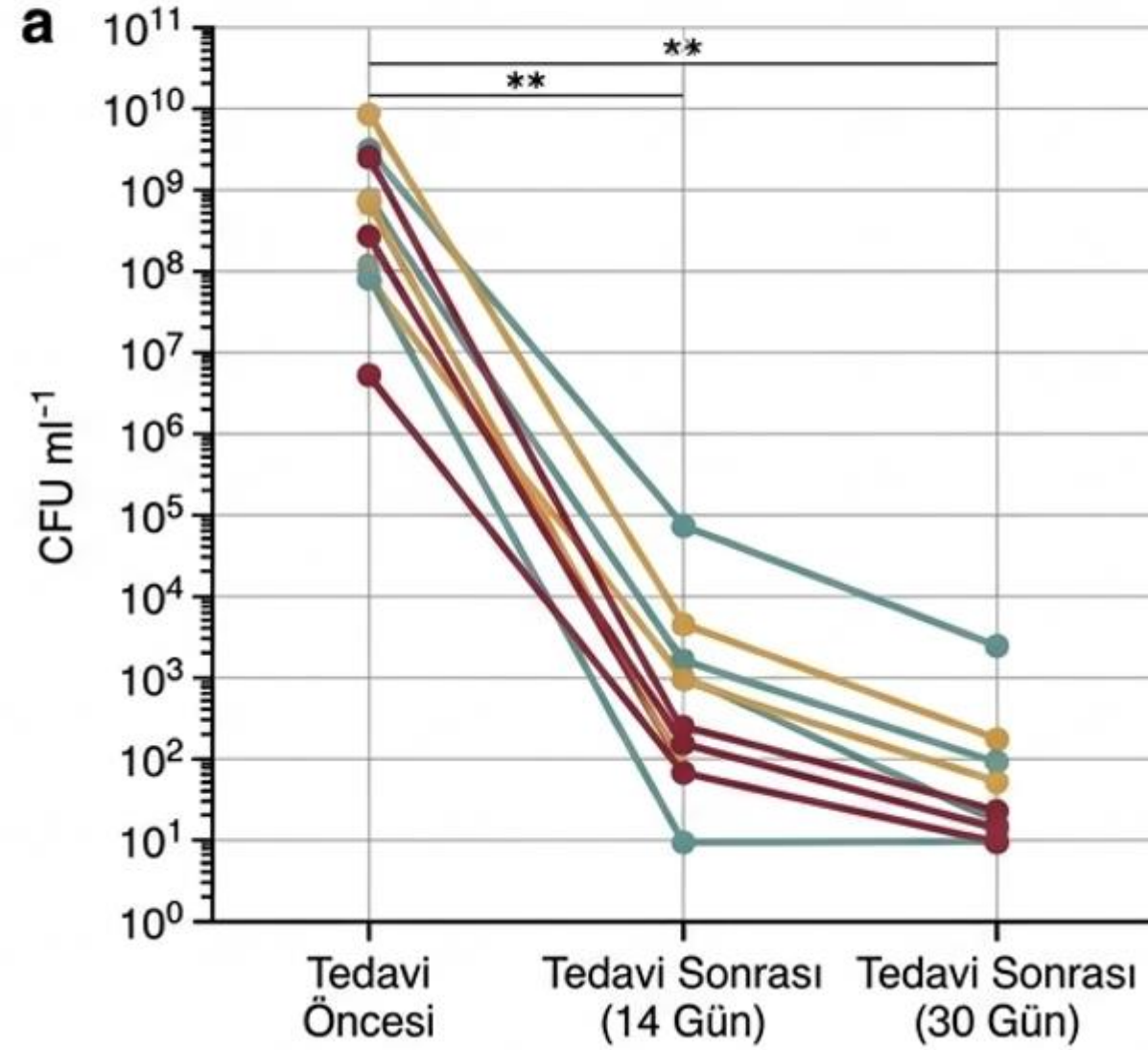
Hedef: LPS-5 kullanan hastalar.



Bulgu: Bakterilerin doku yıkımına neden olan elastaz enzim aktivitesinde çarpıcı düşüş ($P=0.002$).

Bakteri ölmemiş olsa bile, artık kronik enfeksiyon yaratacak hücre silahlardan yoksundur.

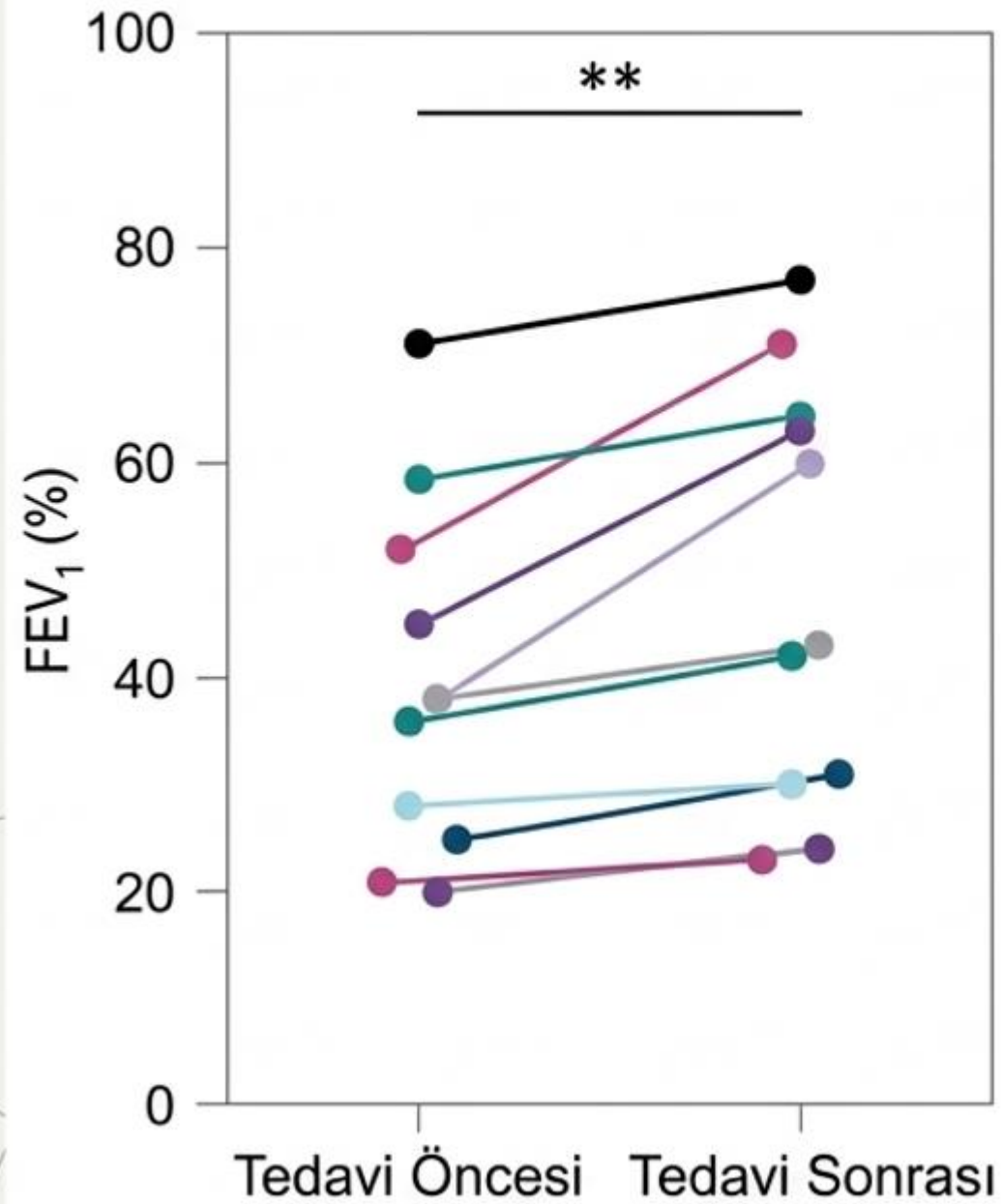
Makro Sonuç: Patojenin Doğrudan İmhası



**Medyan 10⁴
CFU/ml Düşüş**
(İstatistiksel olarak anlamlı, P=0.006).

Analiz: Tedavi tamamlandıktan sonraki 5-18 gün içinde, tüm hastalarda balgamdaki Pseudomonas yoğunluğunda dramatik bir azalma kaydedildi. Her bir kişiselleştirilmiş protokol (tekli veya kokteyl) bakteri yükünü düşürmede başarılı oldu.

Makro Sonuç: Solunum Kapasitesinde Geri Kazanım



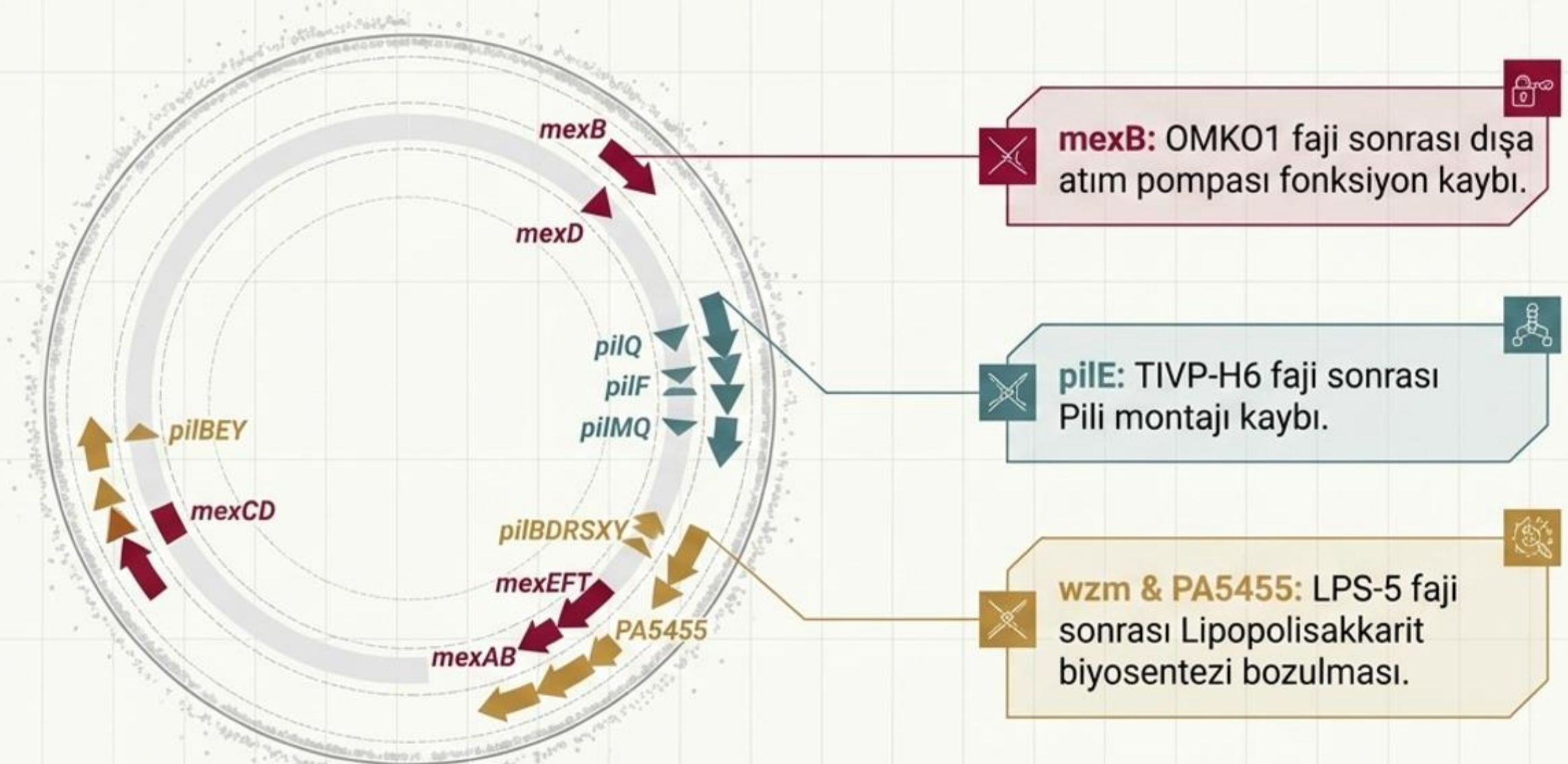
**%6 Medyan / %8
Ortalama FEV₁ Artışı**

(P=0.004).

Klinik Önemi: Akciğer fonksiyonlarındaki bu artış, hem azalan bakteri yükünün hem de bakterilerin faj baskısı altında hastalık yapıcı (virülans) özelliklerinden vazgeçmesinin doğrudan bir sonucudur. **Tedaviye yanıt vermeyen** bu hasta grubunda ulaşılan bu artış son derece kritiktir.

Teslimiyetin Genetik Planı: Tüm Genom Dizileme (WGS)

Tedavi sonrası izole edilen bakterilerin genetik haritası, fenotipik bulguları doğruladı. Bakterilerin DNA'sında, tam da fajların saldırdığı gen bölgelerinde mutasyonlar saptandı.

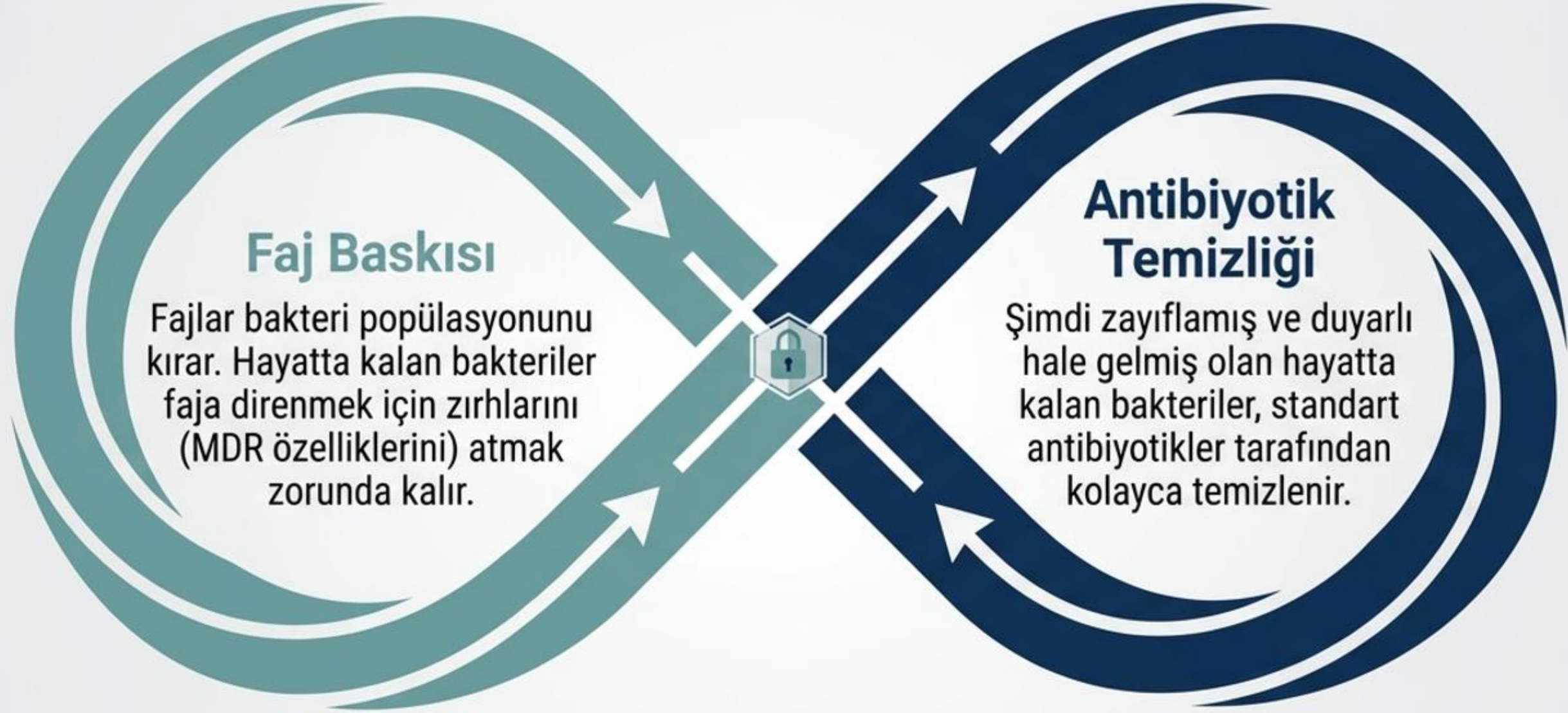


mexB: OMK01 faji sonrası dışı atım pompası fonksiyon kaybı.

pilE: TIVP-H6 faji sonrası Pili montajı kaybı.

wzm & PA5455: LPS-5 faji sonrası Lipopolisakkarit biyosentezi bozulması.

Yeni Paradigma: Faj-Antibiyotik Sinerji Döngüsü



Gelecek fajlar VEYA antibiyotikler değildir. Gelecek, direnç mekanizmalarını sonsuz bir döngüde birbirine kırdıran Faj + Antibiyotik sinerjisidir.



Genomic characterization of a novel *Pseudomonas aeruginosa* bacteriophage representing the newly proposed genus *Angoravirus*: in vitro antimicrobial and antibiofilm activity

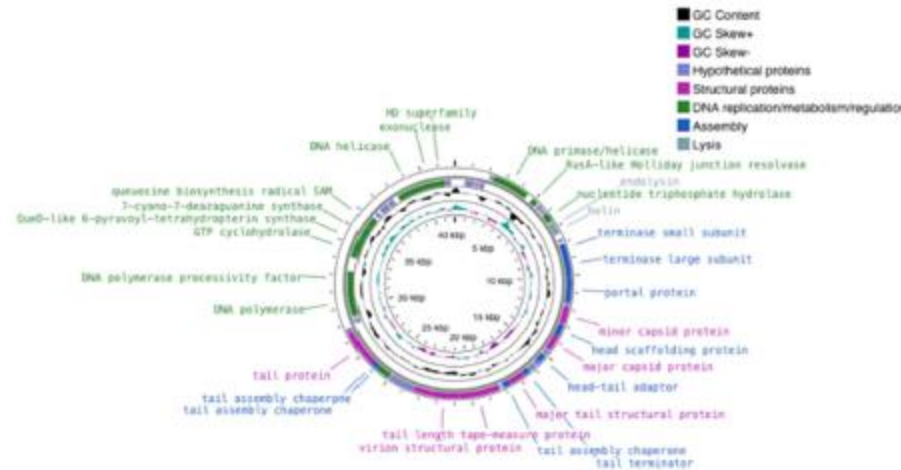
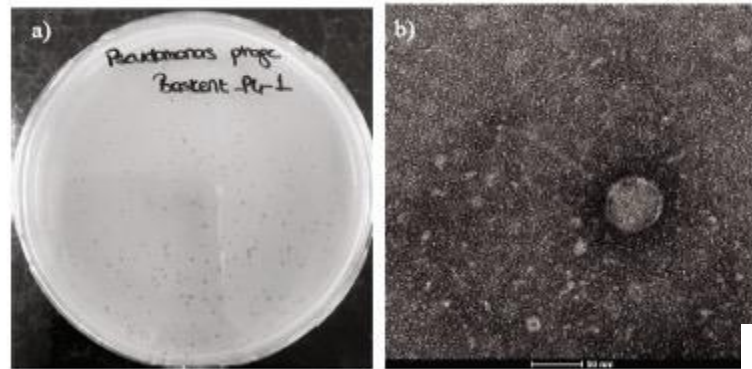
Sezin Unlu¹ · Aylin Uskudar Guclu¹

Received: 17 February 2025 / Revised: 17 April 2025 / Accepted: 30 April 2025 / Published online: 8 May 2025
© The Author(s), under exclusive licence to Springer Nature Switzerland AG 2025

Abstract

Multi-drug-resistant (MDR) *Pseudomonas aeruginosa* is an important pathogen that poses a critical threat due to its metallo-beta-lactamase (MBL)-mediated carbapenem resistance and biofilm-forming ability, making bacterial treatment very complicated and requiring alternative strategies. Bacteriophages are promising alternatives; however, the discovery of novel phages targeting MDR strains remains urgent. In this study, *Pseudomonas* phage Baskent_P4_1, a novel virulent siphovirus that infects clinical MDR *P. aeruginosa* isolates, was isolated from wastewater and characterized comprehensively. Its efficacy was tested against biofilm-forming, MDR isolates with MBL activity by spot test and efficiency of plating (EOP). Biological characterization showed that phage Baskent_P4_1 is stable at pH 4–10 and temperatures up to 50 °C, while its stability decreases >60 °C temperature. It has a short latent period of 10 min and a high burst size of 253 phages per cell. The phage lysed 40% of the MDR *P. aeruginosa* isolates tested, including strong biofilm producers. In vitro assays showed significant biofilm inhibition (48.8% reduction at 10⁹ PFU/mL) and degradation of pre-formed biofilms. Transmission electron microscopy (TEM) revealed an icosahedral head (70 nm) and a long non-contractile tail (150 nm). Whole genome sequencing by Illumina demonstrated a linear dsDNA genome of 41,947 bp (62.8% GC content) with 53 predicted coding sequences. No virulence factors, antibiotic resistance genes, or tRNAs were detected, thus ensuring therapeutic safety. Along with phylogenetic and vConTACT2 analysis, these results suggested that phage Baskent_P4_1 belongs to a new genus, which was proposed here as the genus *Angoravirus* with three other species. Genomic analysis identified hydrolases (ORF 13/14) and 7-deazaguanine modification enzymes (ORF 46/47) that may contribute to host lysis and evasion of bacterial defenses. These findings highlight Baskent_P4_1's potential as a therapeutic candidate against MDR *P. aeruginosa* infections. The study underscores the importance of expanding phage diversity libraries and provides a framework for characterizing novel phages to combat antimicrobial resistance.

Keywords Bacteriophages · *Pseudomonas aeruginosa* · Proteome · Biofilm · Multidrug-resistant



A novel *Enterococcus faecalis* bacteriophage Ef212: biological and genomic features

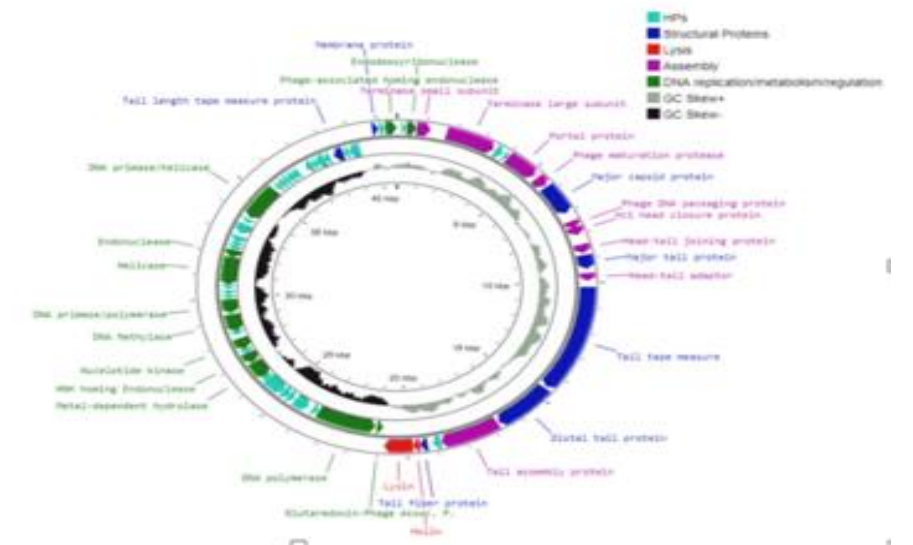
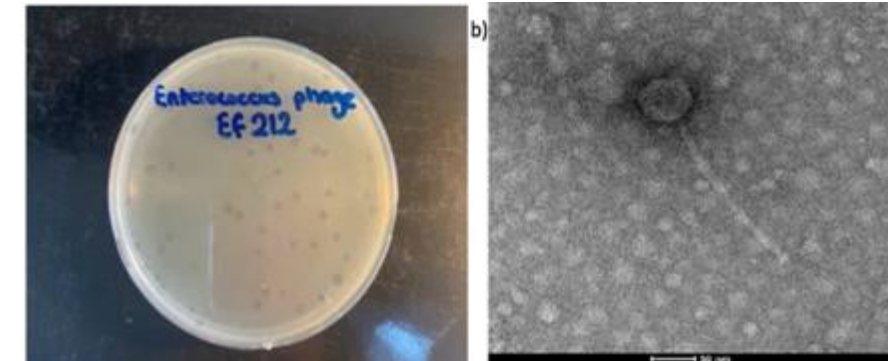
Aylin Uskudar-Guclu¹ · Suleyman Yalcin²

Received: 11 April 2024 / Revised: 30 May 2024 / Accepted: 14 June 2024 / Published online: 27 June 2024
© The Author(s), under exclusive licence to Springer Nature Switzerland AG 2024

Abstract

This study aimed to isolate and characterize biological and genomic features of a phage infecting *Enterococcus faecalis*. The phage was isolated from environmental water and temperature and pH stability, one-step growth curve, and multiplicity of infection (MOI) were determined. Whole genome sequencing (WGS) and structural and functional annotations were performed. Its antibiofilm activity was also evaluated. The optimal MOI was 0.01, the latency period was 5 min, and the burst size was 202 plaque forming unit (PFU). High phage survival rates were observed at between pH 4–10 and temperatures between 4–50 °C. WGS and Transmission electron microscopy (TEM) showed that it was an *Efqatrovirus* representing siphovirus morphotype respectively. It was named as *Enterococcus* phage Ef212 and has a linear 40,690 bp double-stranded DNA with 45.3% G + C content (GenBank accession number: OR052631). BACPHLIP tool demonstrated that *Enterococcus* phage Ef212 is a lytic phage (88%). A total of 80 open reading frames (ORFs) were found and there were no antibiotic resistance genes, pathogenicity, virulence genes, or tRNAs in the phage genome. It was diverged from the most similar phages (identity, 88.35%; coverage, 89%) by phylogenetic analysis. Phage Ef212 shared a large part of its genome (60/80) with several other phages, yet some unique parts were found in their genomes. Host range analysis showed that phage Ef212 showed lytic activity against vancomycin-resistant and vancomycin-susceptible *E. faecalis* clinical isolates. This novel phage Ef212 showed the ability to inhibit and reduce the biofilm formation by around 42% and 38%, respectively. The biological and genomic features indicate that having an effective antibacterial activity, phage Ef212 seemed a promising therapeutic and biocontrol agent.

Keywords *Enterococcus faecalis* · Bacteriophage · Antibiofilm · Multidrug resistance



CRISPR-Cas-based diagnostics for point-of-care detection of sexually transmitted infections: a laboratory development and evaluation study

Soo Jen Low*, Matthew T O'Neill*, Janath A Fernando, William J Kerry, Jacqueline Prestedge, Natasha Wild, Simran Chahal, Georgina L Pollock, Georgina Papadakis, Marcelina Krysiak, Eloise Williams, Francesca Azzato, Thomas Tran, Christopher Fairley, Catriona Bradshaw, Marcus Y Chen, Chuan K Lim, Deborah A Williamson*, Shivani Pasricha*

Summary

Background Timely, point-of-care diagnosis of sexually transmitted infections (STIs) is crucial for enabling prompt treatment and reducing transmission. We aimed to develop a portable, multiplexed, CRISPR-based assay panel for the detection of *Neisseria gonorrhoeae* (including the ciprofloxacin resistance marker *gyrA* S91F), *Chlamydia trachomatis*, *Treponema pallidum*, and herpes simplex virus (HSV).

Methods In this laboratory development and evaluation study, we developed and optimised four multiplexed, CRISPR-based, diagnostic STI assays for point-of-care use. The complete assay panel comprised a CRISPR TP–HSV (cTP–HSV) panel for the detection of *T pallidum* and pan-HSV, with reflex testing to distinguish HSV-1 from HSV-2, and a CRISPR NG–CT (cNG–CT) panel for the detection of *N gonorrhoeae* and *C trachomatis*, with reflex testing to detect *N gonorrhoeae* using two additional genome regions and to identify the *gyrA* S91F mutation. Each pathogen was targeted at two independent genomic regions by isothermal amplification and CRISPR-Cas reaction using Cas12a and Cas13a, each with distinct fluorescent reporters. Analytical specificity and limits of detection (LODs) were determined, and a retrospective, masked concordance study was conducted on genomic DNA from 900 clinical samples (400 for cTP–HSV and reflex testing and 500 for cNG–CT and reflex testing), using quantitative PCR as the reference standard. The diagnostic accuracy of the test was assessed by analysis of receiver operating characteristic curves.

Findings The overall sensitivity of the TP–HSV CRISPR assay was 82.5% (95% CI 74.0–88.7) for *T pallidum* and 94.4% (90.2–97.0) for pan-HSV; LODs were 6.2 copies per μ L for *T pallidum* and 7.8 copies per μ L for HSV. Reflex testing gave sensitivities of 97.0% (91.1–99.3) for HSV-1 and 96.0% (89.7–98.7) for HSV-2. The NG–CT CRISPR assay had an overall sensitivity of 80.0% (74.0–84.9) for *N gonorrhoeae* and 73.0% (65.5–79.3) for *C trachomatis*, with a LOD of 3.9 copies per μ L for both pathogens. Reflex testing for the detection of the *gyrA* S91F mutation in *N gonorrhoeae* showed an overall sensitivity of 63.1% (55.1–70.4); however, this was dependent on sample type, with a sensitivity of 85.7% (46.7–99.5) in genital samples and 61.2% (52.8–68.9) in extragenital samples. For all pathogens, assay sensitivity was positively correlated with pathogen load. Area under the curve (AUC) values were 0.90 for *T pallidum* and 0.99 for pan-HSV in the TP–HSV assay, with values of 0.99 for HSV-1 and 0.97 for HSV-2 obtained in the reflex HSV-1–HSV-2 assay. For the cNG–CT assay, AUC values were 0.90 for *N gonorrhoeae* and 0.85 for *C trachomatis*, with a value of 0.72 obtained for *gyrA* S91F in the reflex cNG–*gyrA* assay.

Interpretation Our multiplexed, CRISPR-based, point-of-care platform achieved performance consistent with WHO target product profiles for *N gonorrhoeae* and *T pallidum*. Proof-of-concept detection of the *gyrA* S91F resistance marker highlights its potential for resistance-guided therapy. Although optimisation is required before large-scale deployment, this suite offers a promising approach for rapid, decentralised, and resistance-informed STI diagnosis, particularly in resource-limited settings.



Lancet Microbe 2026

Published Online
<https://doi.org/10.1016/j.lanmic.2025.101289>

*Contributed equally

Department of Infectious Diseases, The University of Melbourne at The Peter Doherty Institute for Infection and Immunity, Melbourne, VIC, Australia (S J Low PhD, M T O'Neill BSc, J A Fernando BSc, J Prestedge BSc, S Chahal MA, G L Pollock PhD, M Krysiak MSc, E Williams PhD, F Azzato BSc, C K Lim PhD, Prof D A Williamson PhD, S Pasricha PhD); Walter and Eliza Hall Institute of Medical Research, Melbourne, VIC, Australia (M T O'Neill,

W J Kerry MBiotech, N Wild BSc, S Pasricha); Victorian Infectious Diseases Reference Laboratory, The Royal Melbourne Hospital at The Peter Doherty Institute for Infection and Immunity, Melbourne, VIC, Australia (J Prestedge, G Papadakis BSc, E Williams, F Azzato, T Tran BSc, C K Lim); Melbourne Sexual Health Centre, Alfred Health, Melbourne, VIC, Australia (N Wild, Prof C Fairley PhD, Prof C Bradshaw PhD, Prof M Y Chen PhD); School of Translational Medicine, Faculty of Medicine, Nursing and Health Sciences, Monash University, Melbourne, VIC, Australia (Prof C Fairley, Prof C Bradshaw, Prof M Y Chen); School of



Cinsel Yolla Bulaşan Enfeksiyonlarda (CYBE) CRISPR Devrimi

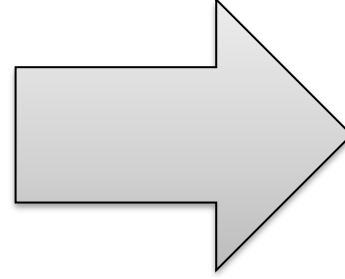
Kaynakların kısıtlı olduğu bölgelerde çoklu patojen tespiti ve AMR (Antimikrobiyal Direnç) yönetimi için yeni nesil, hasta başı (point-of-care) tanı platformu.

Geniş ölçekli laboratuvar altyapısına ihtiyaç duymadan, 55 dakikada PCR düzeyinde moleküler doğruluk.

374 Milyon



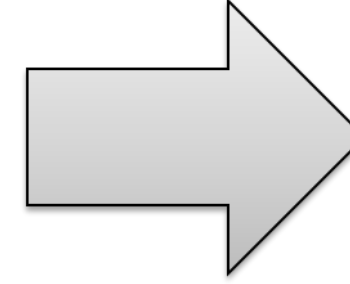
2020 yılında rapor edilen yeni tedavi edilebilir CYBE vakası (Klamidya, Bel Soğukluğu, Frengi, Trikomoniyaz).



Merkezi Laboratuvar Engeli



Düşük ve orta gelirli ülkelerde altın standart tanı yöntemlerine (seroloji, NAAT) erişim eksikliği, tanıda gecikmelere ve zincirleme bulaşmaya neden olmaktadır.



Direnç Krizi



Hızlı tanı eksikliği nedeniyle uygulanan ampirik 'sendromik yönetim', özellikle *N. gonorrhoeae* (Bel soğukluğu) türlerinde tehlikeli bir antimikrobiyal direnç (AMR) evrimini tetiklemektedir.

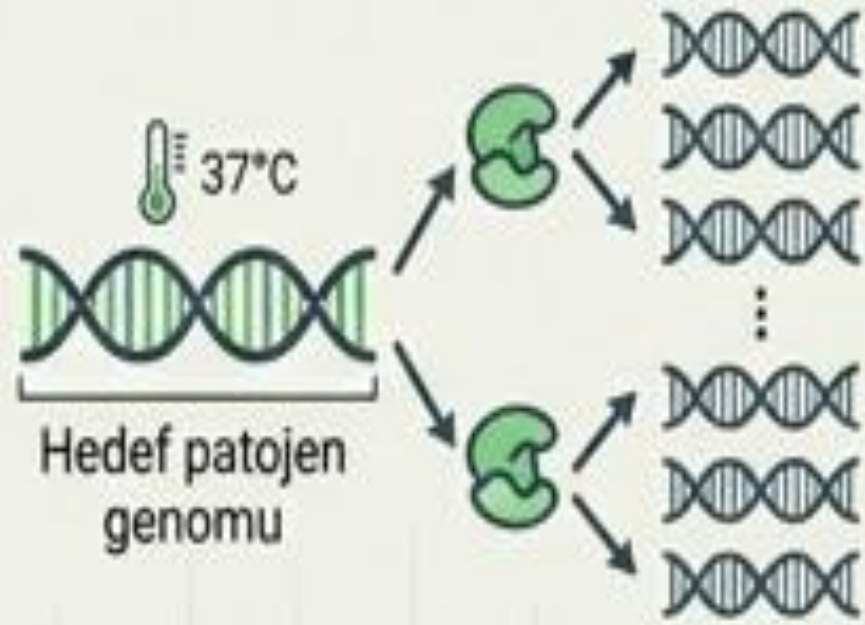
CRISPR-Cas-based diagnostics for point-of-care detection of sexually transmitted infections: a laboratory development and evaluation study

Standart ve CRISPER Hasta Başı POC



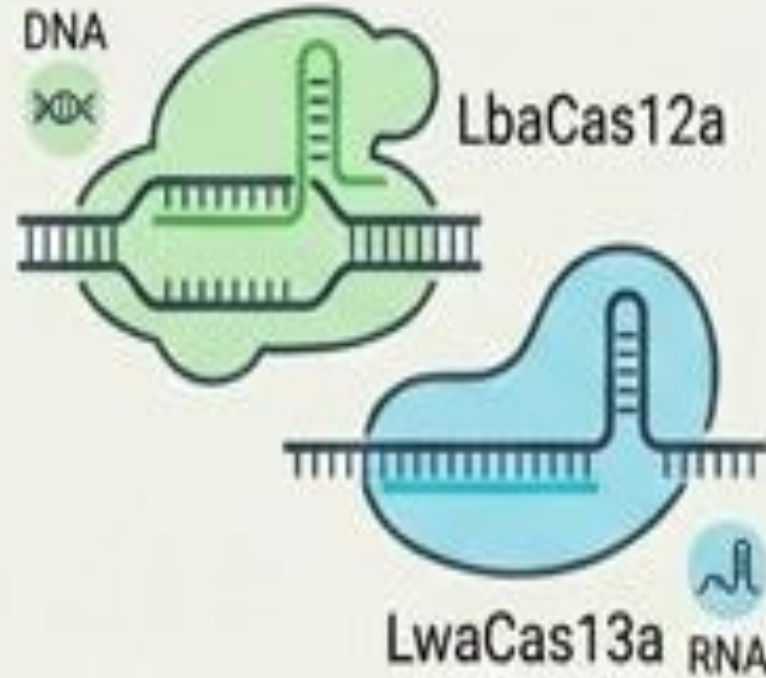
	Mevcut Standart (Merkezi PCR)	CRISPR Hasta Başı (POC) Çözümü
Süre	Günler/Haftalar (Kargo + Laboratuvar Sırası).	~55 Dakika (Tek bir klinik ziyarette teşhis ve tedavi).
Altyapı İhtiyacı	Soğuk zincir, gelişmiş laboratuvar, uzman personel.	Sadece 37°C sabit ısı, taşınabilir cihaz (T8-ISO), minimum eğitim.
Hedef & Kapsam	Genellikle tekli veya kısıtlı çoklu paneller.	Eşzamanlı 4 majör patojen + AMR (Antimikrobiyal Direnç) mutasyon taraması.

Adım 1: İzotermal Çoğaltma (RPA)



Hedef patojen genomu, 30 dakika boyunca 37°C'de Recombinase Polymerase Amplification (RPA) kullanılarak enzimatik olarak çoğaltılır.

Adım 2: Çifte Cas Tanıması



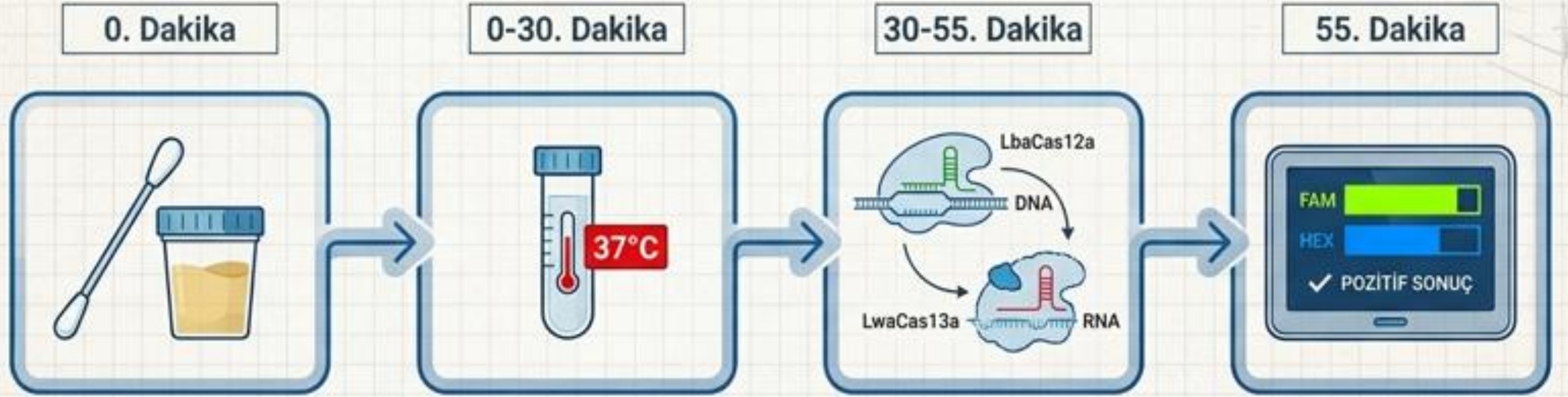
LbaCas12a (DNA hedefli) ve LwaCas13a (RNA hedefli) enzimleri rehber RNA'larla (gRNA) hedefe kilitlenir. DSÖ kılavuzlarına uygun olarak her patojen iki farklı genomik bölgeden hedeflenir.

Adım 3: Kolateral Kesim ve Işıma



Cas enzimlerinin aktive olmasıyla çevrelerindeki prob molekülleri kesilir ve T8-ISO cihazı tarafından okunacak FAM (Neon Yeşil) ve HEX (Elektrik Mavi) sinyalleri açığa çıkar.

55 Dakikalık Kesintisiz İş Akışı



Örnek Alımı

İdrar, genital veya ekstragenital sürüntü alınır.

Pre-Amplifikasyon

Ekstrakte edilen genomik DNA, RPA reaksiyon tüpüne eklenir.

Multiplex Cas Tespiti

Örnek, gRNA'lar ve enzimleri içeren T8-ISO cihazına aktarılır.

Hasta Başı Sonuç

Cihaz ekranında beliren Yeşil (FAM) ve Mavi (HEX) kanal sinyalleri ile nihai enfeksiyon raporu.

İkili Panel ve Refleks Test Mimarisi



Panel 1 (cTP-HSV)



Primer Test: *T. pallidum* (Frengi) [FAM] ve pan-HSV (Herpes) [HEX] eşzamanlı tespiti.

Eğer HSV pozitifse

Refleks Test: HSV-1 [FAM] ve HSV-2 [HEX] ayrımını yapmak için alt kırılım testi (cHSV-1-HSV-2).



Panel 2 (cNG-CT)



Primer Test: *N. gonorrhoeae* (Bel Soğukluğu) [FAM] ve *C. trachomatis* (Klamidya) [HEX] eşzamanlı tespiti.

Eğer *N. gonorrhoeae* pozitifse

Refleks Test: Siprofloksasin direncini belirten *gyrA* S91F mutasyonunu arayan direnç testi (cNG-*gyrA*).



Modül A (cTP-HSV Paneli)

Modül B (cNG-CT Paneli)

900
Klinik Örnek
(qPCR ile doğrulandı)

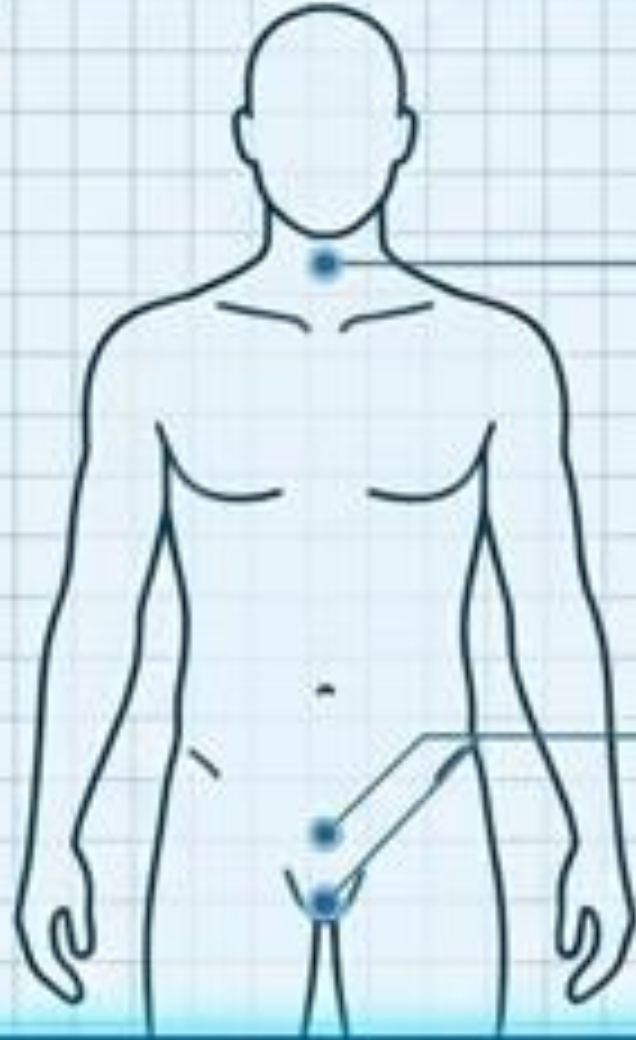
400 Örnek. (Penil,
vulval, anal, oral vb.
çeşitli bölgelerden).

500 Örnek. (İdrar,
anal, boğaz, rektal vb.
çeşitli bölgelerden).

**Bugüne kadar yapılmış en kapsamlı
CRISPR tabanlı CYBE tanı çalışması.**

Alt Not: Daha önceki çalışmalar genellikle 25-40 civarı örnekle sınırlıyken, bu çalışma gerçek dünya klinik çeşitliliğini yansıtacak devasa bir veri seti kullanmıştır.

Anatomik Sınırları Aşan Çok Yönlülük



Genital Bölgeler

İdrar, penil, vulval, vajinal, servikal.



Ekstragenital Bölgeler

Anal, rektal, boğaz (orofaringeal).

Tüm patojenler (T. pallidum, HSV, NG, CT) için genital ve ekstragenital sürüntüler arasında duyarlılık açısından istatistiksel olarak anlamlı bir fark bulunmamıştır ($p>0.05$).

Özet Mesaj: Klinik örnek tipinden bağımsız, standart ve güvenilir teşhis gücü.

Karne 1: Frengi ve Herpes (cTP-HSV Paneli)



Treponema pallidum (Frengi) [FAM Sinyali]

- Genel Duyarlılık (Sensitivity): %82.5 (LOD: 6.2 kopya/ μ L)
- Özgüllük (Specificity): %98.0



pan-HSV (Herpes Genel) [HEX Sinyali]

- Genel Duyarlılık (Sensitivity): %94.4 (LOD: 7.8 kopya/ μ L)
- Özgüllük (Specificity): %98.0

Hızlı Çıkarım

Her iki patojen için de başka hiçbir organizma ile çapraz reaksiyon gözlenmemiştir.
DSÖ'nün hedef ürün profilleriyle tam uyum sağlanmıştır.

Refleks Analiz: HSV Tiplendirmesi (cHSV-1-HSV-2)

HSV-1

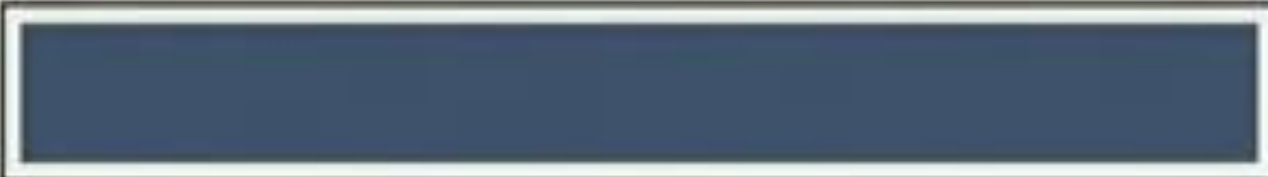
Duyarlılık:

Duyarlılık: %97.0



Özgüllük:

Özgüllük: %100.0



HSV-2

Duyarlılık:

Duyarlılık: %96.0



Özgüllük:

Özgüllük: %100.0



Bağlam Notu: qPCR ile saptanan 198 pozitif HSV örneğinin tamamı refleks teste tabi tutulmuş ve her iki virüs için 0.99 (HSV-1) ve 0.97 (HSV-2) gibi olağanüstü Eğitim Altında Kalan Alan (AUC) değerlerine ulaşılmıştır.

Karne 2: Bel Soğukluğu ve Klamidya (cNG-CT Paneli)



Neisseria gonorrhoeae (Bel Soğukluğu) [FAM Sinyali]

- Genel Duyarlılık (Sensitivity): %80.0 (LOD: 3.9 kopya/ μ L)
- Özgüllük (Specificity): %96.9



Chlamydia trachomatis (Klamidya) [HEX Sinyali]

- Genel Duyarlılık (Sensitivity): %73.0 (LOD: 3.9 kopya/ μ L)
- Özgüllük (Specificity): %98.2

Hızlı Çıkarım

Klamidya ve Bel Soğukluğu ortak enfeksiyonlarını (co-infections) ayırmada yüksek etkinlik.
Bel soğukluğu pozitif örnekler doğrudan Direnç (AMR) taramasına yönlendirilir.

AMR Devrimi: Direnç Odaklı Tedavi (Refleks 2)

Mechanism



**gyrA S91F
Mutasyonu**

CRISPR platformu, genom üzerindeki tek noktali bir mutasyonu patojenin Siprofloksasin antibiyotigine dirençli olup olmadigini raporlar.

Clinical Data



Genital örneklerde Saptama Duyarlılığı %85.7'ye ulaşmaktadır.



Original article

Noninvasive diagnosis of pulmonary tuberculosis using face mask sampling: a prospective study in adults

Dariusz Woelk^{1,2}, Lennard Meiwes^{1,2,3,†}, Nelly Ciobanu⁴, Valeriu Crudu⁴, Anna-Marya Comanac^{4,5}, Stela Kulcitkaia⁵, Anca Vasiliu^{1,2,6}, Anna Maria Mandalakas^{1,2,6}, Christoph Lange^{1,2,3,6,*}, Thomas Theo Brehm^{1,2,7,†}, Dumitru Chesov^{1,2,5,†}

¹ Clinical Infectious Diseases, Research Center Borstel, Leibniz Lung Center, Borstel, Germany

² Clinical Tuberculosis Unit, German Center for Infection Research (DZIF), Hamburg-Lübeck-Borstel-Riems, Germany

³ Respiratory Medicine and International Health, University of Lübeck, Lübeck, Germany

⁴ National Reference Center for Mycobacteria, Chiril Draganiuc Institute of Pneumology, Chişinău, Republic of Moldova

⁵ Discipline of Pneumology and Allergology, Nicolae Testemitanu State University of Medicine and Pharmacy, Chişinău, Republic of Moldova

⁶ Department of Pediatrics, Global TB Program, Baylor College of Medicine, Houston, TX, USA

⁷ Division of Infectious Diseases, I. Department of Medicine, University Medical Center Hamburg-Eppendorf, Hamburg, Germany

ARTICLE INFO

Article history:

Received 22 August 2025

Received in revised form

14 December 2025

Accepted 21 December 2025

Available online 29 December 2025

Editor: E. Bottieau

Keywords:

Diagnosis

Drug-resistance

Face mask sampling

Mycobacterium tuberculosis

Tuberculosis

Xpert MTB/RIF

ABSTRACT

Objectives: Sputum-based diagnostic methods for pulmonary tuberculosis (TB), including culture and nucleic acid amplification tests, provide high sensitivity and specificity. However, these methods rely on the patients' ability to produce sputum. In cases where sputum cannot be obtained, invasive procedures such as bronchoscopy may become necessary. Our objective was to evaluate the diagnostic accuracy of face mask sampling (FMS) as a noninvasive alternative.

Methods: Adults with microbiologically confirmed pulmonary TB who had received fewer than 3 days of anti-TB therapy were recruited in Chişinău, Moldova. FMS was conducted and samples were analysed on-site using Xpert MTB/RIF Ultra. Diagnostic performance was compared with conventional methods including sputum Xpert MTB/RIF Ultra and culture, which was considered a combined reference standard.

Results: Between April 2024 and February 2025, a total of 117 adults were enrolled. Of these, 88.0% (103/117) tested positive by sputum culture and/or Xpert MTB/RIF Ultra. Among participants testing positive by this combined reference standard, 59.2% (61/103) tested positive by FMS. Compared against sputum culture and sputum Xpert MTB/RIF Ultra, the sensitivity of FMS was 64.4% (95% CI: 54.4–74.4%) and 58.3% (95% CI: 48.1–68.0%), respectively. Among 90 participants with a positive sputum culture, FMS was positive in 6.0% (5/90) that were negative by sputum Xpert MTB/RIF Ultra.

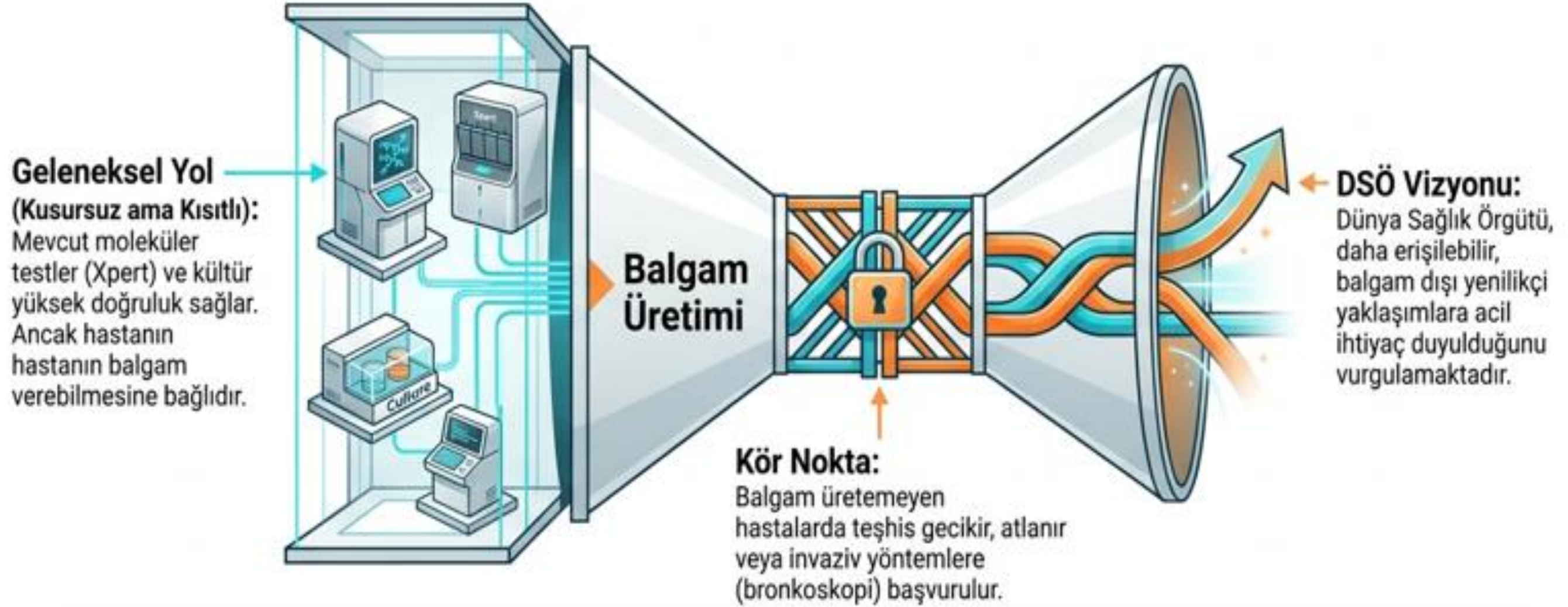
Conclusions: These findings highlight the potential additive yield and complementary role of FMS. Where resources allow, FMS may serve as a valuable diagnostic tool used in parallel to conventional diagnostics to enhance the rapid detection of pulmonary TB in adults. **Dariusz Woelk, Clin Microbiol Infect 2026;32:644**

- Tüberküloz tanısında –Balgamdan mikroskopi, kültür, nükleik asit amplifikasyon testleri spesifite, sensitiviteyi yüksek
- Hastaların balgam üretme yeteneğine bağlı
- Balgam çıkaramayanlarda bronkoskopi gibi invazif yöntemler gerekir
- İnvazif olmayan yüz maskesinden örnekleme tanılabilirliği

- Almanya' da Moldova Kişinev' de Tüberküloz tanısı alan hastalar
- Geleneksel kültür ve yüz maskesi karşılaştırıldı
- Nisan 2024- Şubat 2025, 117 hasta
- 103 hasta kültür ve/veya moleküler test
- 103 hastanın 61 (%59.2) Yüz maskesi

- Balgam kültürü karşılaştırıldığında Yüz maskesi duyarlılığı-%64.4
- Balgam moleküler testler ile karşılaştırıldığında duyarlılığı %58,3 .
- Balgam kültürü pozitif 90 hastada, balgam moleküler testle negatif olanların %6,0'ında (5/90) yüz maskesi pozitif sonuç vermiş

Tüberküloz tanısı



Sorun testlerin hassasiyeti değil, test edilecek numunenin elde edilme zorluğudur.

Yüz maskesi örnekleme



Çalışma dizaynı

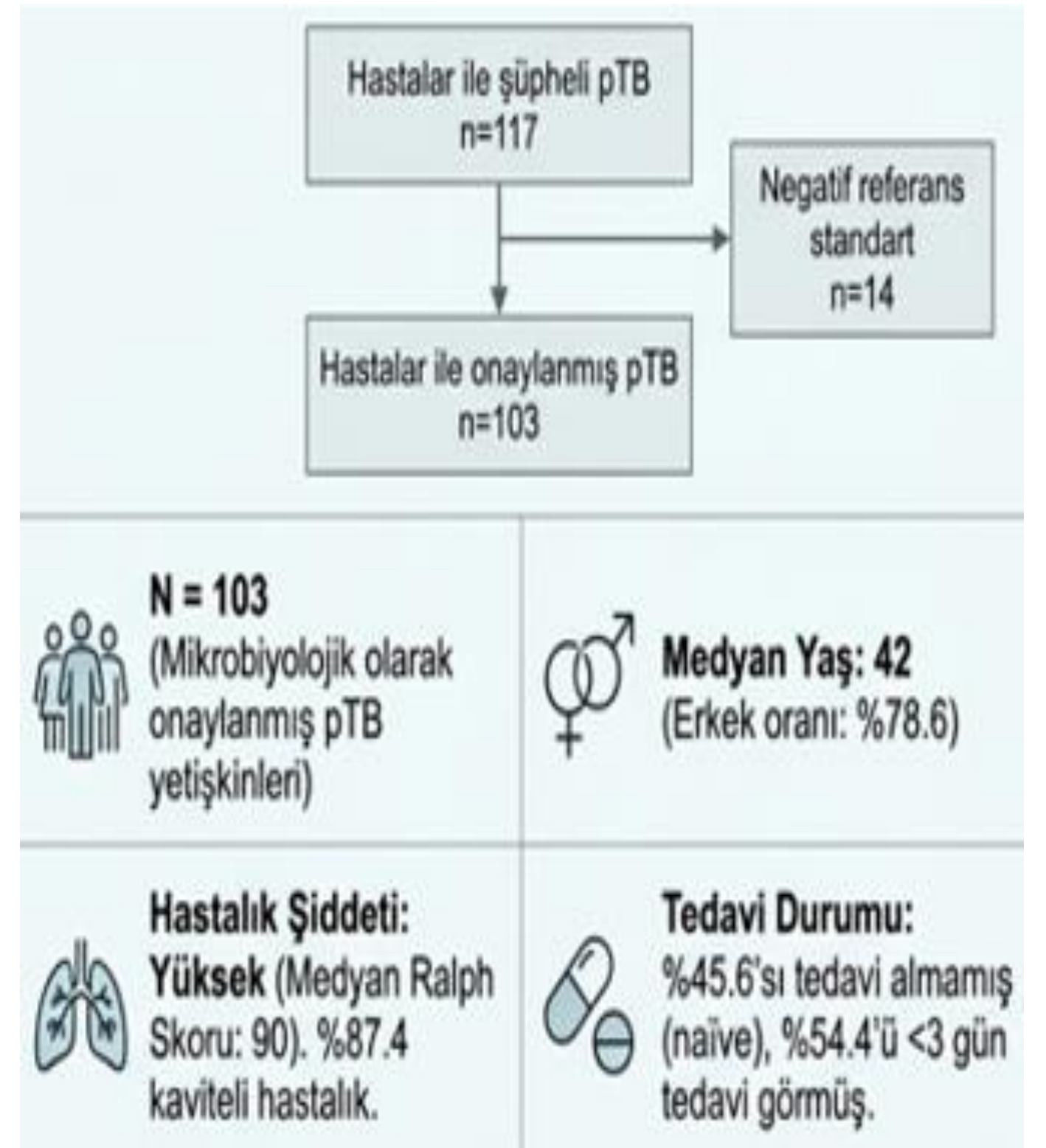
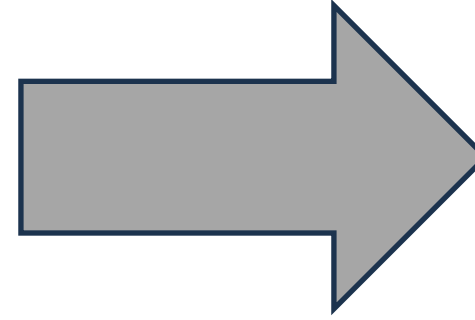
Neden Moldova?

100.000'de 64 TB insidansı.

Küresel MDR/RR-TB vakalarında ilk 30 ülke arasında.

Kanıtlanmış TB vakalarının %33'ü ilaç dirençli.

Zorlu ve gerçekçi bir test sahası.



Yüz maskesi ne kadar başarılı?

Sensitivite (Hassasiyet)



Spesifisite (Özgüllük)

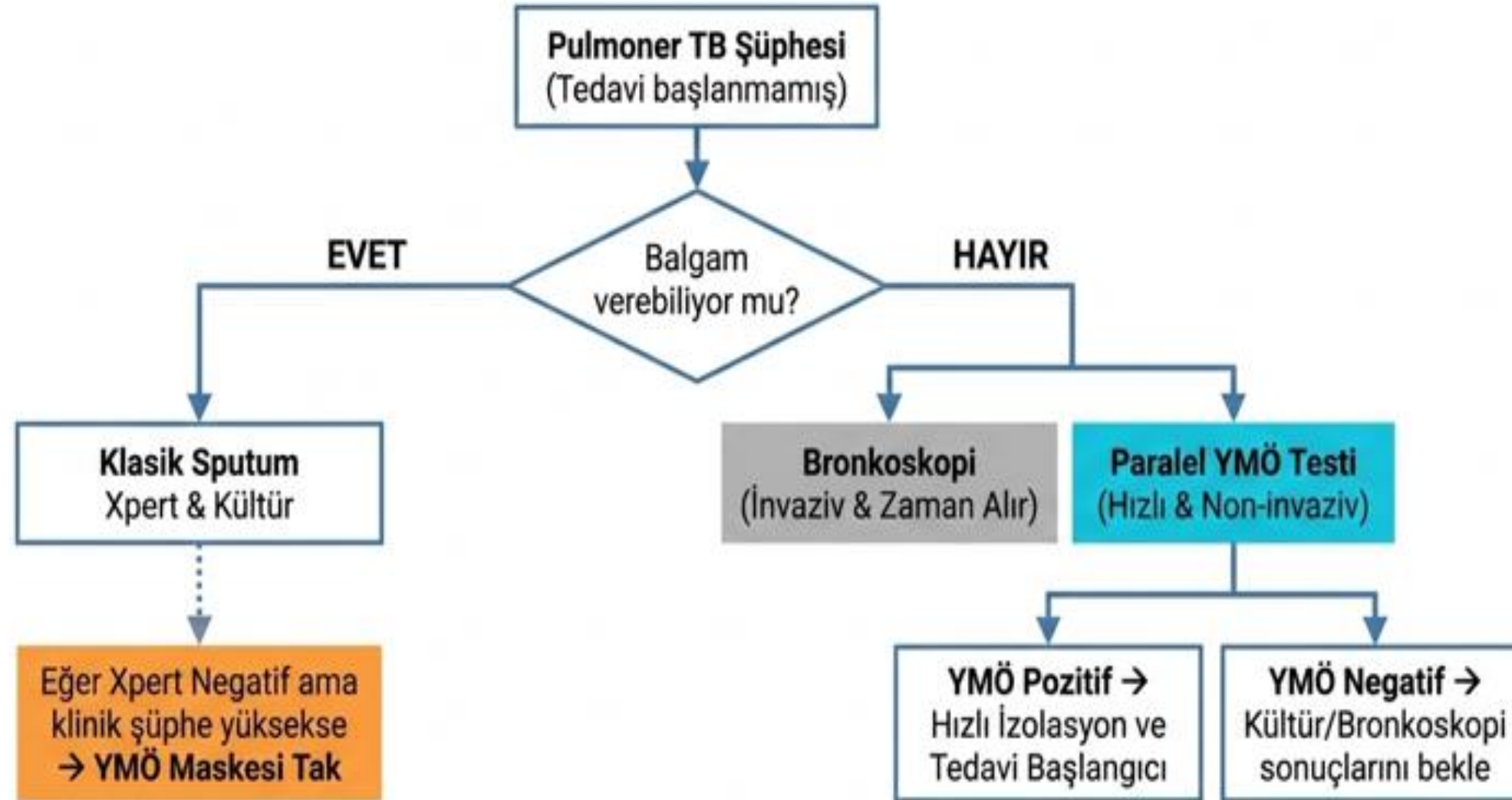
%100

TB teması olmayan 12 sağlıklı gönüllünün hiçbirinde pozitif sonuç veya kontaminasyon görülmedi.

DSÖ ≥ %75
hassasiyet
hedefine
ulaşamadı!!!

	Geleneksel Balgam (Xpert/Kültür)	Bronkoskopi	Yüz Maskesi Örneklemesi (YMÖ)
Hasta Konforu & Non-İnvazivlik	İnvaziv/Zor	En İnvaziv	En Yüksek Konfor
Balgam Gerekliliği	Balgam Gerekli	Balgamsız Çalışır	Sadece Nefes Yeterli
Sonuç Hızı	Kültür Yavaştır	Operasyon Gerektirir	Xpert İle Saniyeler
Genel Sensitivite	Çok Yüksek	Yüksek	Orta (%64)
Genişletilmiş Direnç (MDR) Profili	Mükemmel	Mükemmel	Yetersiz DNA

Sentez: Önerilen Entegre Tanı Algoritması



YMÖ, geleneksel yöntemlere rakip değil, süreci hızlandıran, boşlukları dolduran destek tanı metodudur.

Sonuç

Klinik Mikrobiyolojide 2025-2026

Nanoteknoloji

Bakteriyofaj
tedavileri

Hızlı tanı
testleri

Criper-Cas
teknolojileri

Mikrobiyom
çalışmaları

Biyofilm
çalışmaları

Makine öğrenmesi
AI

Aşı çalışmaları

İklim değişikliği
ve antibiyotik
direnci







TEŞEKKÜRLER
nuransari@baskent.edu.tr