

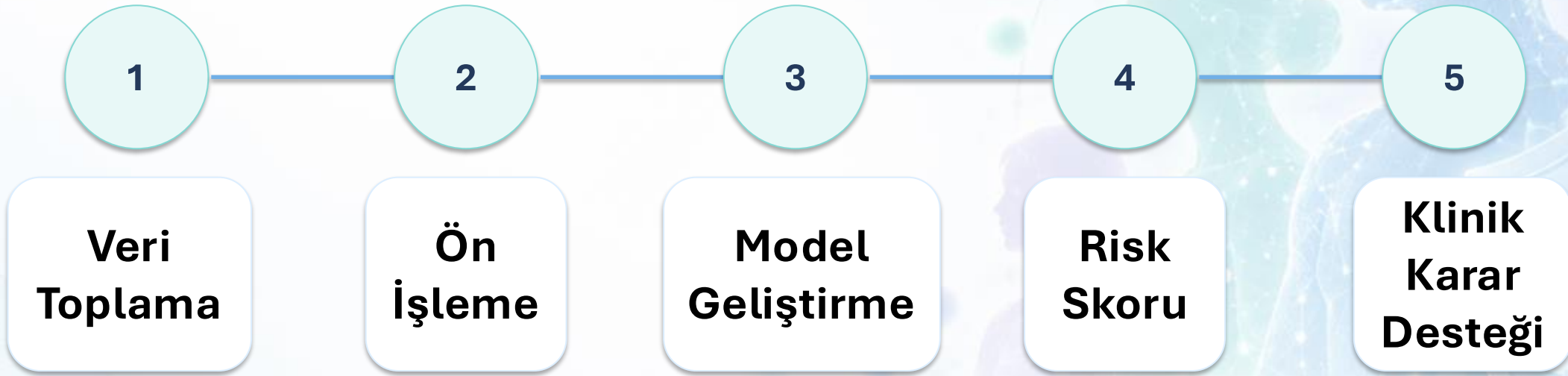
Yapay Zeka ile Aşılama Risk Grubunu Belirleme

Doç. Dr. Özlem Güler

Kocaeli Üniversitesi
Enfeksiyon Hastalıkları
ve Klinik Mikrobiyoloji



Yapay Zeka ve Aşılama Risk Grupları



- Yapay zeka ve makine öğrenmesi algoritmaları
- Sağlık kayıtlarının tamamını inceleyerek
- Risk haritası çıkarabilir

Kullanılabilir Veri Kaynakları

Demografi

Yaş, cinsiyet
Yaşam koşulları
Temas yoğunluğu

Klinik veriler

Komorbidite
İmmünsüpresyon
gebelik

Aşı öyküsü

Önceki aşılanma durumu
Eksik dozlar

Laboratuvar / sürveyans

Bölgesel risk
Salgın verisi
Dolaşımdaki etkenler

Davranışsal göstergeler

Sağlık hizmetine erişim
Başvuru alışkanlığı
Uyum

Yapay Zeka ve Aşılama Risk Grupları

**Aşı kararsızlığı olan ya da
aşılarını kaçırabilecek gruplar için
sosyodemografik verilerin analizi**

Ağır enfeksiyon geçirebilecek grupların analizi

**Olası yan etkileri tahmin edip aşılama
stratejilerinin iyileştirilmesi**



Düşük COVID-19 Aşılanması ile İlişkili Değişkenlerin Makine Öğrenmesi ile Analizi

Kaliforniya'daki ZIP kodları düzeyinde yapılan çalışma – Avirappattu ve ark., 2022

1 Çalışmada ne yapıldı?

1



Amaç: Düşük COVID-19 aşılanması ile ilişkili sosyo-ekonomik, demografik ve sağlıkla ilgili değişkenleri belirlemek.

2



Kapsam: Kaliforniya'daki 1.555 yerleşimsel ZIP kodu incelendi; 12 yaş ve üzeri nüfus esas alındı.

3



Veri kaynakları: California Department of Public Health aşı verileri, ACS 2019 ve CDC BRFSS verileri kullanıldı.

4



Aday değişkenler: 151 sosyo-ekonomik, demografik ve sağlıkla ilgili değişken değerlendirildi.

5



Sonlanımlar: 'aşısız kişi sayısı' ve 'aşılama oranı' ayrı ayrı modellendi.

6



Yöntem: 5-kat çapraz doğrulama ile farklı makine öğrenmesi modelleri karşılaştırıldı; ileri yönlü seçimle 31 değişkene inildi, ardından VIF < 3.5 ölçütü ile son modelde aşısız kişi sayısı için 20, aşılama oranı için 14 değişken bırakıldı.

Kullanılan modeller

Linear Regression, Lasso, Ridge, Elastic Net, Decision Tree Regressor, SVR, KNeighbors Regressor, Random Forest Regressor ve Gradient Boosting Regressor (GBR).

2

Model performansı ne oldu?



Aşısız kişi sayısı için
(CV explained variance)

Model	Açıklanan varyans
LinearRegression	0.40
Lasso	0.00
Ridge	0.40
ElasticNet	0.04
DecisionTreeRegressor	0.08
SVR	0.59
KNeighborsRegressor	0.43
RandomForestRegressor	0.62
GradientBoostingRegressor	0.64



Aşılama oranı için
(CV explained variance)

Model	Açıklanan varyans
LinearRegression	0.37
Lasso	0.00
Ridge	0.49
ElasticNet	0.00
DecisionTreeRegressor	-0.05
SVR	0.50
KNeighborsRegressor	0.41
RandomForestRegressor	0.48
GradientBoostingRegressor	0.49



Özet sonuç

- ✓ Gradient Boosting Regressor (GBR), çalışmada tercih edilen model oldu.
- ✓ Nihai GBR modeli, aşısız kişi sayısındaki değişkenliğin %72.9'unu açıkladı.
- ✓ Nihai GBR modeli, aşılama oranındaki değişkenliğin %53.3'ünü açıkladı.
- ✓ Model, aşısız kişi sayısını aşılama oranından daha iyi açıkladı.

Aşılanmayan
popülasyon

A

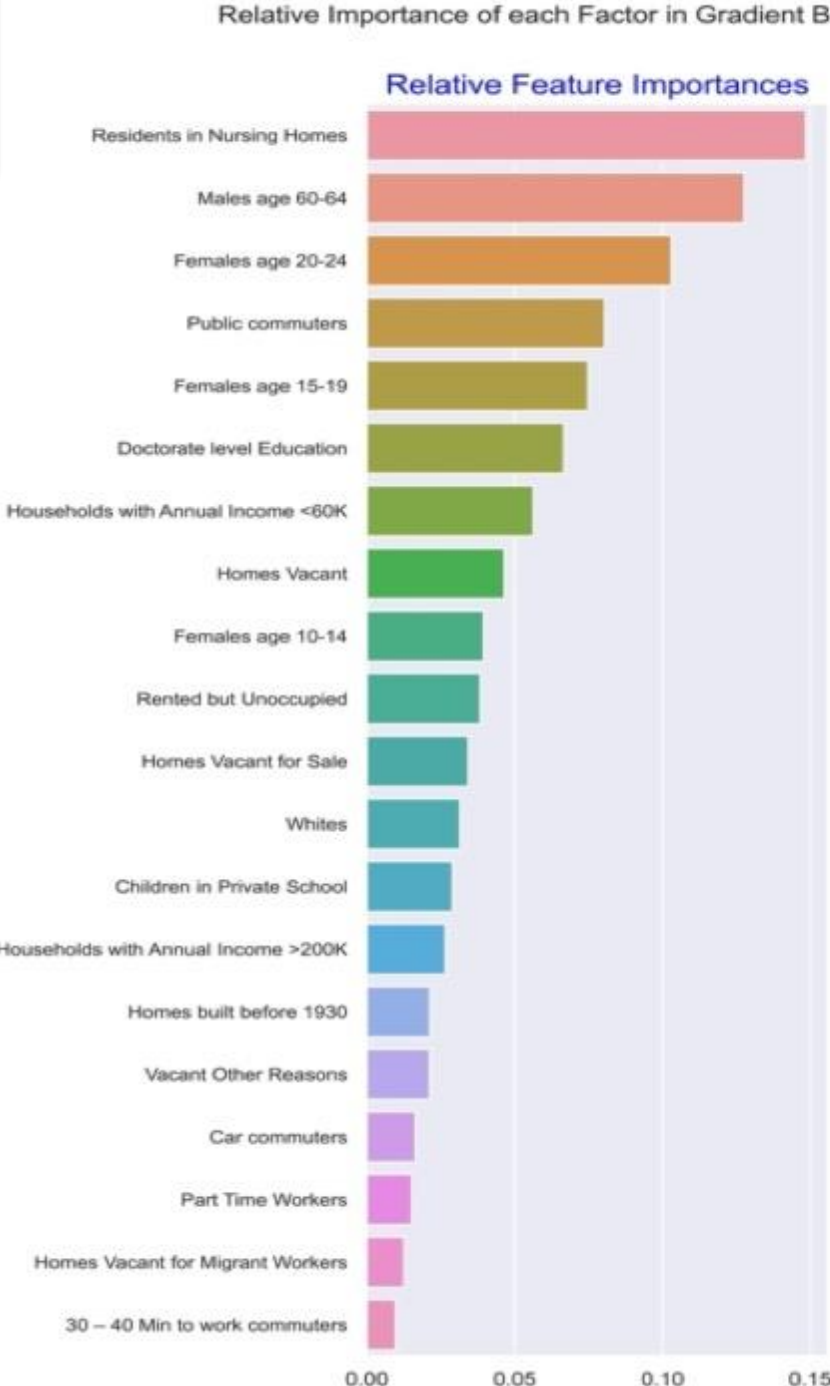


Table 1A. Correlations between predictor variables and unvaccinated counts.

Feature Variable: Proportion of	r	r^2	p-value
Males age 60–64	–0.53	0.28	0
Females age 20–24	0.35	0.12	0
Females age 15–19	0.31	0.09	0
Females age 10–14	0.30	0.09	0
residents in Nursing Homes	0.05	0.00	0
Whites	–0.42	0.18	0
Households with Annual Income > 200 K	–0.20	0.04	0
Households with Annual Income < 60 K	0.11	0.01	0
Proportion with Doctorate level Education	–0.18	0.03	0
Proportion Children in Private School	–0.18	0.03	0
Proportion Homes Vacant	–0.37	0.13	0
Homes Vacant for Sale	0.33	0.11	0
Vacant Other Reasons	–0.10	0.01	0
Rented but Unoccupied	0.11	0.01	0
Homes Vacant for Migrant Workers	–0.11	0.01	0
Part Time Workers	–0.08	0.01	0
car commuters	0.16	0.03	0
public commuters	0.15	0.02	0
30 – 40 Min to work commuters	0.07	0.01	0
homes built before 1930	–0.14	0.02	0

B

Relative Importance of each Factor in Gradient Boosted Regressor in Vaccination Rate Prediction

Relative Feature Importances

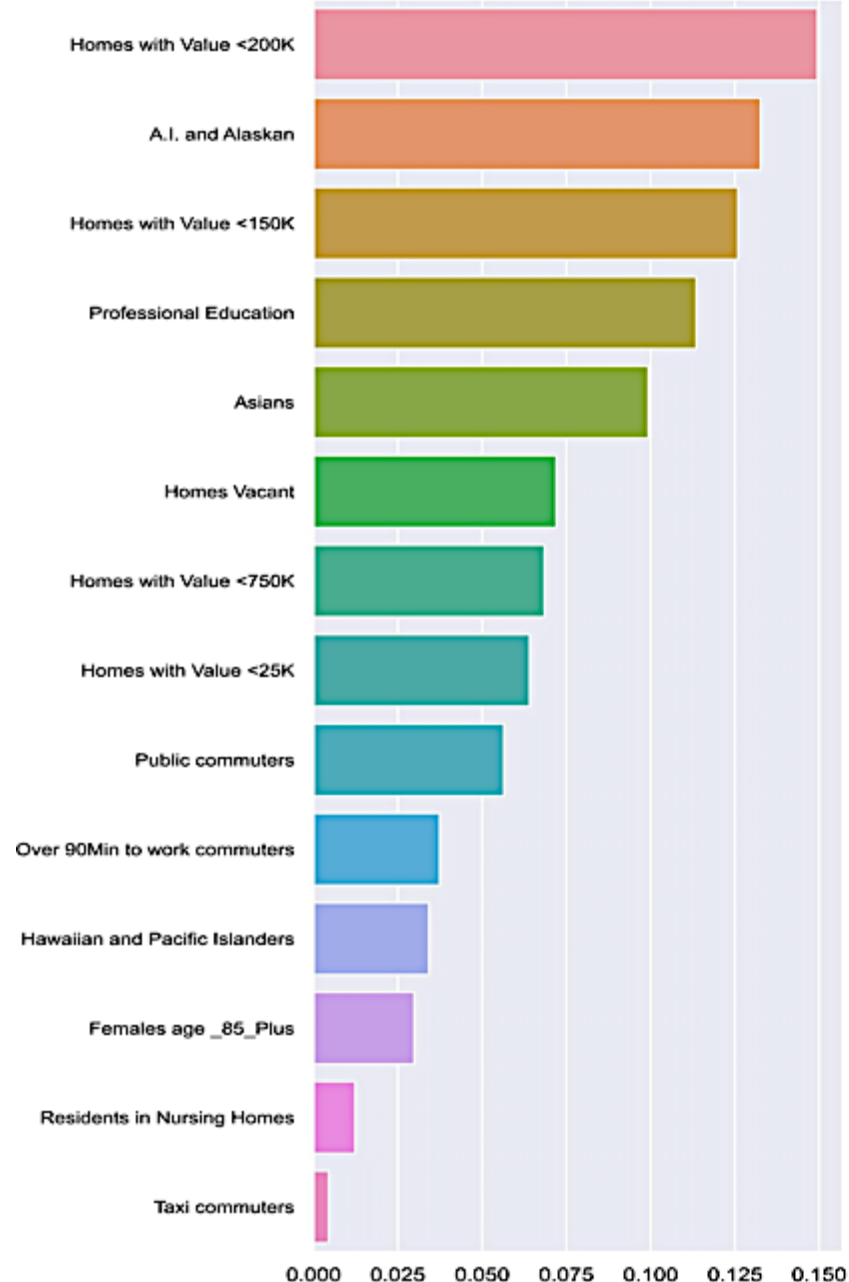


Table 1B. Correlations between predictor variables and vaccination rates.

Feature Variable: Proportion of	r	r^2	p-value
Females age _85_Plus	0.17	0.03	0
Residents in Nursing Homes	0.07	0.00	0.01
Asians	0.41	0.17	0
A.I. and Alaskan	-0.25	0.06	0
Hawaiian and Pacific Islanders	0.07	0.01	0.01
Homes with Value <25K	-0.32	0.10	0
Homes with Value <150K	-0.49	0.24	0
Homes with Value <200K	-0.49	0.24	0
Homes with Value <750K	0.46	0.21	0
Proportion with Professional Education	0.49	0.24	0
Homes Vacant	-0.12	0.01	0
Public commuters	0.26	0.07	0
Over 90Min to work commuters	-0.14	0.02	0
taxi commuters	0.10	0.01	0

Aşılanma
Oranlarını
Etkileyen
Faktörler

Aşı Tereddüdü Riski Nasıl Tahmin Edildi?

İtalya, 2016

Carrieri et al., 2021 | Predicting vaccine hesitancy from area-level indicators: A machine learning approach



1 Amaç



Belediye düzeyindeki göstergelerle **yüksek aşı tereddüdü riskini** tahmin etmek.

2 Veri



2016 yılında İtalya'daki **6.062 belediye**



7 zorunlu olmayan çocukluk çağı aşısı

3 Sonlanım



Ortalama aşı kapsayıcılığı **%92'nin altı = yüksek risk.**

4 Değişken grupları



Demografik/coğrafi

- Nüfus yapısı
- Yaş dağılımı
- Coğrafi özellikler



Kurumsal

- Yerel yönetim özellikleri
- Sağlık hizmetleri ile ilgili göstergeler



Sosyoekonomik

- Gelir ve eğitim düzeyi
- Sosyoekonomik gelişmişlik

5 Modeller



LASSO
(Regresyon)



Random Forest



Neural Network



Gradient Boosted Machine

6 Yöntem



Verinin **%70'i eğitim, %30'u test.**



Performans, **ROC/AUC** ile değerlendirildi.



Ana mesaj: Rutin bölgesel verilerle **riskli** bölgeler önceden belirlenebilir.

Received: 23 February 2021

Revised: 22 June 2021

Accepted: 29 August 2021

DOI: 10.1002/hec.4430

SHORT RESEARCH ARTICLE

Health Economics Letter

Health
Economics

WILEY

Predicting vaccine hesitancy from area-level indicators: A machine learning approach

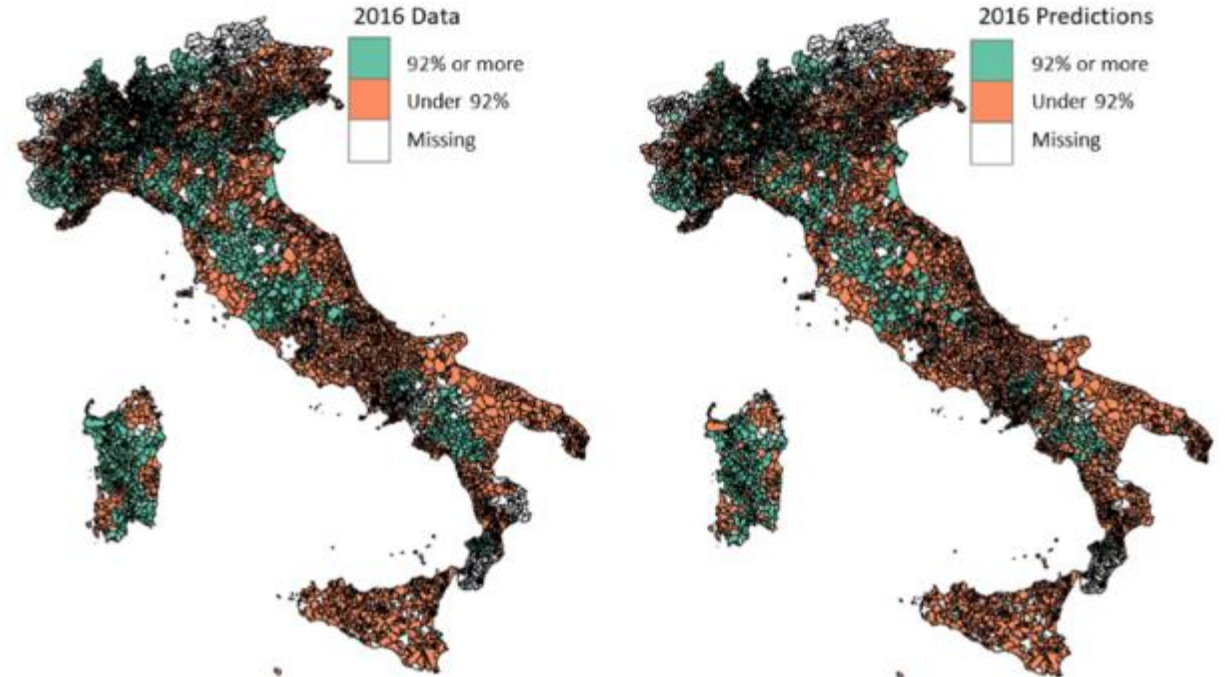
Vincenzo Carrieri^{1,2,3} | Raffele Lagravinese⁴ | Giuliano Resce⁵

3254

WILEY

Health
Economics

CARRIERI ET AL.



Aşı Tereddüdünü Açıklayan Önemli Değişkenler

Random Forest modelinde öne çıkan alan düzeyi göstergeler

- | | | | | | |
|----|---|------------------------------|----|---|---|
| 1 |  | Geri dönüştürülen atık oranı | 11 |  | Ortalama gelir |
| 2 |  | İstihdam oranı | 12 |  | Belediye meclisi üyelerinin ortalama yaşı |
| 3 |  | Rakım | 13 |  | Eşitsizlik |
| 4 |  | Yoksulluk | 14 |  | 18 yaş altı nüfus oranı |
| 5 |  | Çocuklu aile oranı | 15 |  | 2 yaş altı nüfus oranı |
| 6 |  | Geçici iş oranı | 16 |  | 65 yaş üstü nüfus oranı |
| 7 |  | Boşanma oranı | 17 |  | Belediye başkanının yaşı |
| 8 |  | Eğitim düzeyi | 18 |  | Belediye meclisinde kadın oranı |
| 9 |  | Nüfus yoğunluğu | 19 |  | Sağ görüşlü belediye başkanı |
| 10 |  | Toplam nüfus | 20 |  | Kadın belediye başkanı |



İlk iki en güçlü gösterge:
geri dönüştürülen atık oranı ve istihdam oranı.



Bu değişkenler belediye düzeyinde aşı tereddüdü riskini tahmin etmede öne çıkmıştır.

Ağır enfeksiyon geçirebilecek grupların analizi



Journal of
Clinical Medicine

Submit to this Journal

Review for this Journal

Propose a Special Issue

Article Menu

Academic Editors



Daniel Álvarez



John G. Kellett

Recommended Articles

IK

Order Article Reprints



Open Access Article

Prediction of Influenza Complications: Development and Validation of a Machine Learning Prediction Model to Improve and Expand the Identification of Vaccine-Hesitant Patients at Risk of Severe Influenza Complications

by Donna M. Wolk^{1,2,*†} , Alon Lanyado^{3,†} , Ann Marie Tice¹ , Maheen Shermohammed⁴  , Yaron Kinar³ , Amir Goren⁴ , Christopher F. Chabris⁴ , Michelle N. Meyer⁴  , Avi Shoshan³ , and Vida Abedi⁵  

¹ Department of Laboratory Medicine, Diagnostic Medicine Institute, Geisinger, Danville, PA 17822, USA

² Geisinger Commonwealth School of Medicine, Scranton, PA 18509, USA

³ Medial EarlySign, 6 Hangar Road, Hod Hasharon 4527703, Israel

⁴ Behavioral Insights Team, Steele Institute for Health Innovation, Geisinger, Danville, PA 17822, USA

⁵ Department of Public Health Sciences, Penn State College of Medicine, Hershey, PA 17033, USA

* Author to whom correspondence should be addressed.

† These authors contributed equally to this work.

Çalışmada ne yapıldı?

Aşısız bireylerde ciddi influenza komplikasyonu riskini öngörmek için elektronik sağlık kayıtları ile makine öğrenmesi modeli geliştirildi.

1 Çalışma popülasyonu

Aşısız bireylerden oluşan retrospektif kohort



111.022

Ciddi influenza komplikasyonu gelişen olgu



2.207.714

Komplikasyon gelişmeyen kontrol



604.389

Model geliştirme ve doğrulama için kullanılan benzersiz birey sayısı

2 Veri kaynağı

Elektronik sağlık kayıtları (EHR) verileri kullanıldı.



EHR verileri



Demografik bilgiler



Vital bulgular



Laboratuvar sonuçları



Tanımlar (hastalık öyküsü)



İlaç kullanımı



Sağlık hizmeti kullanım verileri (poliklinik başvuruları, acil servis)

3 Model ve özellikler

Toplam **147 özellik** kullanıldı ve 4 kümede gruplandırıldı.



Vital bulgular

- Ateş
- Nabız
- Solunum sayısı
- Kan basıncı
- vb.



Laboratuvar sonuçları

- Tam kan sayımı
- Biyokimya
- İnflamatuvar belirteçler
- vb.



Tanımlar ve klinik işlemler

- Akut/kronik hastalıklar
- Acil servis başvuruları
- Hastane yatışları
- Klinik prosedürler
- vb.



İlaç kullanımı

- Reçeteli ilaçlar
- Kronik tedaviler
- Ayaktan tedavi kayıtları
- vb.

4 Modelleme yöntemi

Ciddi influenza komplikasyonu riskini öngörmek için **XGBoost** (gradient boosting) makine öğrenmesi modeli kullanıldı.



XGBoost

(gradient boosting) makine öğrenmesi modeli



6 katlı

çapraz doğrulama
(6-fold cross-validation)



156

parametre ayar denemesi
(parameter-tuning runs)

5 Analizler



Özellik katkıları

Değişken katkıları Shapley değerleri ile değerlendirildi.



Yanlılık (bias) analizi

İrk ve cinsiyete göre olası yanlılık analiz edildi.



Geliştirme aşamasında yer almayan komplikasyonlar için analiz

Model geliştirme aşamasında ters eğilim ağırlıklandırması (inverse propensity weighting) kullanılarak yanlılık düzeltildi.

6 Karşılaştırma modelleri

Geliştirilen model, aşağıdaki karşılaştırma modelleri ile değerlendirildi:



Sadece yaş + cinsiyet modeli



WHO önerilerine dayalı yaş + cinsiyet + komorbiditeler modeli



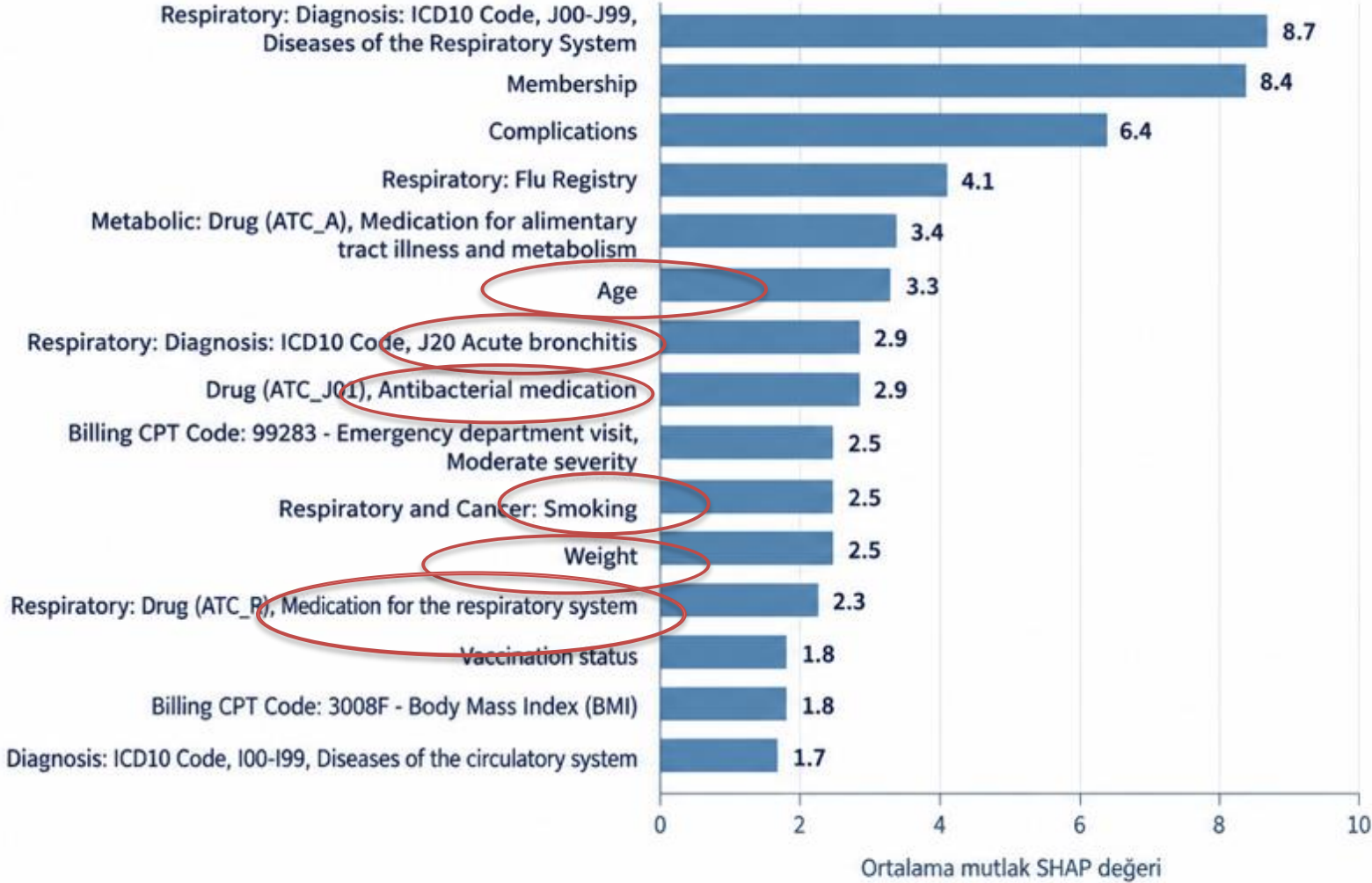
MES Flu Algomarker
(mevcut EHR tabanlı model)

GFlu-CxFlag: SHAP İlk 15 Özellik ve Model Performansı

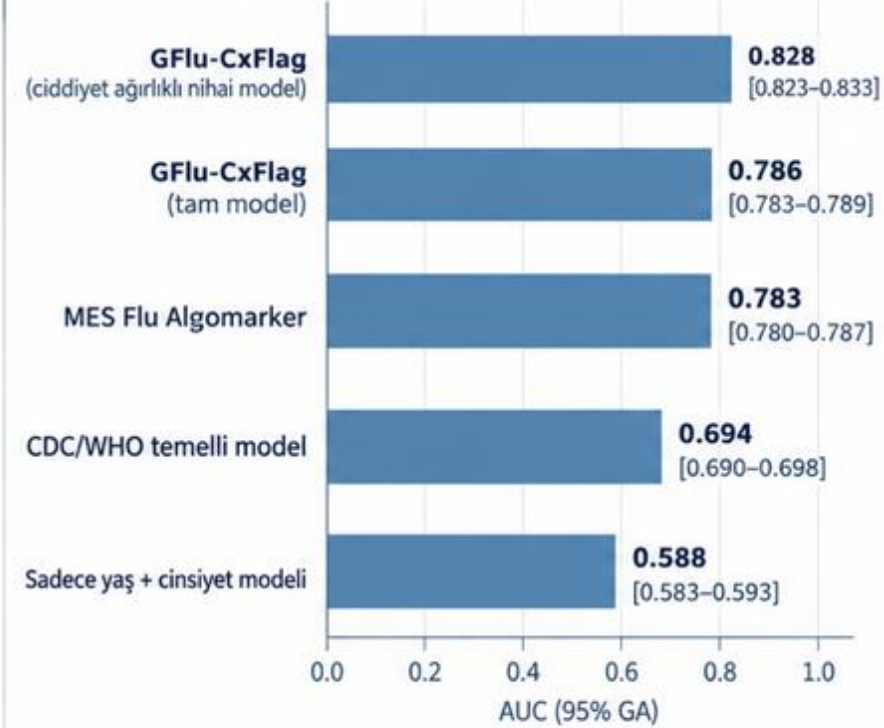
Wolk ve ark. Journal of Clinical Medicine 2022; 11(15): 4342

SHAP analizi: İlk 15 özellik

Sıralama, ortalama mutlak Shapley değerlerine göre. SHAP, özelliğin model tahminine katkısını gösterir; nedensellik göstermez.



Model performansı (AUC)



Model:
XGBoost



Kohort:
604.389 aşısız
birey



Özellik sayısı:
147



Ana mesaj:

GFlu-CxFlag, rehber-temelli ve önceki algoritmik yaklaşımlardan daha iyi ayırt edicilik göstermiştir.

RSP

<http://www.rsp.fsp.usp.br/>

Revista de
Saúde Pública

Covid-19 vaccination priorities defined on machine learning

Renato Camargos Couto^I , Tania Moreira Grillo Pedrosa^I , Luciana Moreira Seara^{II} , Carolina Seara Couto^{III} , Vitor Seara Couto^{II} , Karla Giacomini^V , Ana Claudia Couto de Abreu^{II} 

^I Fundação Lucas Machado. Faculdade de Ciências Médicas de Minas Gerais. Belo Horizonte, MG, Brasil

^{II} Instituto de Acreditação e Gestão em Saúde. Departamento de Tecnologia da Informação. Belo Horizonte, MG, Brasil

^{III} Instituto de Assistência Médica ao Servidor Público Estadual de São Paulo. Hospital do Servidor Público Estadual. Programa de Residência Médica. São Paulo, SP, Brasil

^V Centro Internacional de Longevidade. Belo Horizonte, MG, Brasil

Covid-19 Aşı Önceliklerinin Makine Öğrenmesi ile Belirlenmesi

Couto et al. Rev Saude Publica. 2022;56:11.

Çalışmanın amacı



Makine öğrenmesi kullanarak, COVID-19'a bağlı hastane içi ölüm riskine göre aşıda öncelikli popülasyon gruplarını belirlemek.

Çalışma tasarımı ve veri kaynağı



Retrospektif kohort

Brezilya'daki 336 kamu ve özel hastane
19 Mart 2020 – 22 Mart 2021

Çalışma popülasyonu



49,197

hastaneye yatırılan,
RT-PCR ile doğrulanmış
COVID-19 hastası
(≥ 18 yaş)



Ortalama yaş
60.5 ± 16.8 yıl



Hastane içi ölüm oranı
%17.9



Ortalama komorbidite sayısı
1.97 ± 1.85

Kullanılan değişkenler



Yaş



Cinsiyet



Kronik sağlık
koşulları
(179 geniş kategori)

Model ve analiz



Extreme Gradient Boosting (XGBoost) makine öğrenmesi algoritması

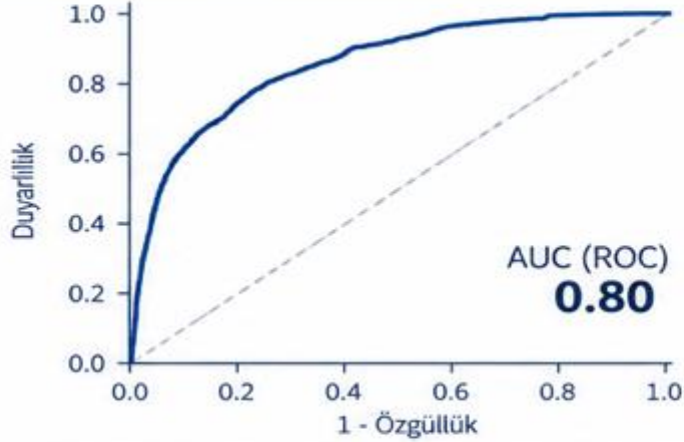


11 farklı risk kategorisi oluşturuldu.



Analizler Python (v3.7) ve R (v4.05)
ile gerçekleştirildi.

Model performansı



Aşı öncelik gruplarının oluşturulması



49,197 hastanın verisi
(model geliştirme)



Makine öğrenmesi modeli ile
hastane içi ölüm riski tahmini



Hastalar, farklı risk düzeylerine göre
11 risk kategorisine ayrıldı.



Bu risk kategorileri kullanarak
aşıda öncelikli popülasyon grupları
önerildi.

Sonuç



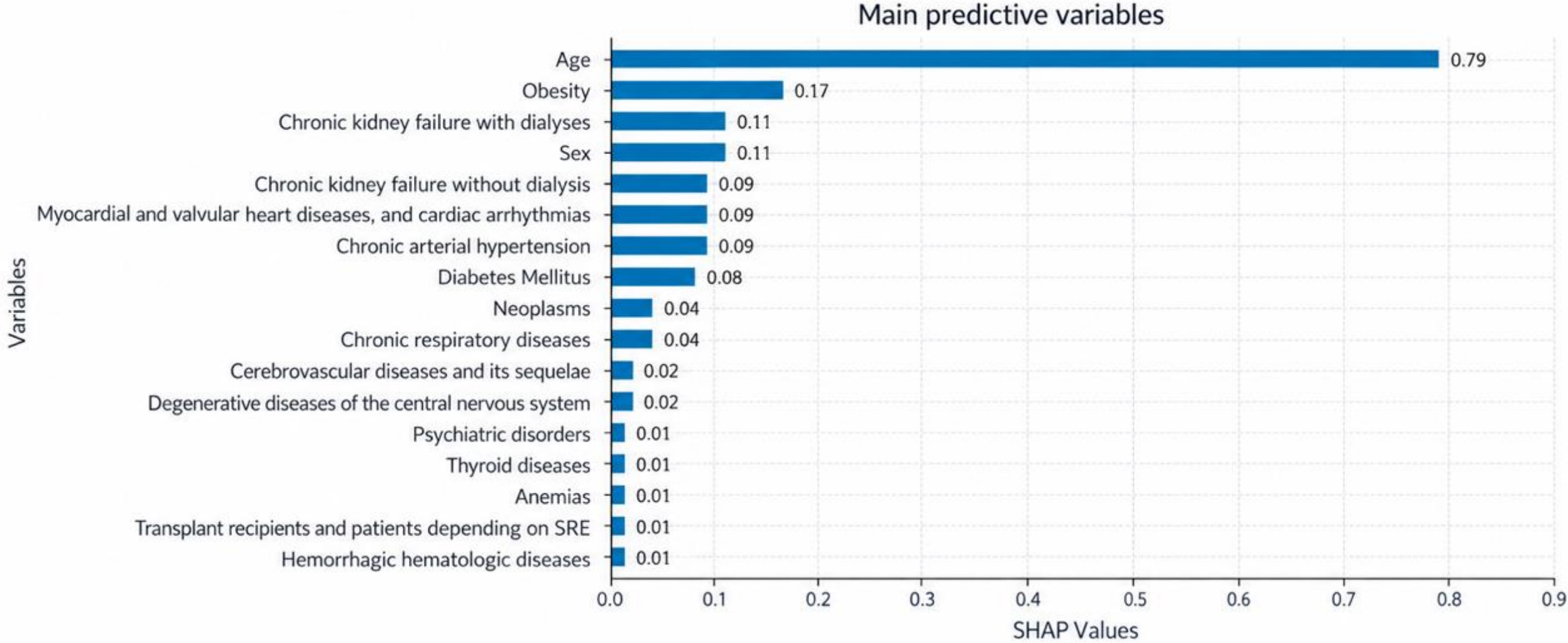
Makine öğrenmesi kullanılarak, COVID-19'a bağlı hastane içi ölüm riskine göre belirlenen aşı öncelik grupları, sağlık yöneticileri tarafından kolayca uygulanabilir.

Aşı önceliği için tanımlanan 11 risk kategorisi

		Hastane içi ölüm riski
1	Çok düşük risk	Genç, önemli komorbiditesi olmayan bireyler
2	Düşük risk	Komorbiditesi sınırlı bireyler
3	Düşük-orta risk	Hafif komorbiditeler
4	Orta risk	Bir veya daha fazla komorbidite
5	Orta-yüksek risk	Yaş ve/veya birden fazla komorbidite
6	Yüksek risk	Önemli kronik hastalıklar
7	Daha yüksek risk	Birden fazla ciddi komorbidite
8	Ciddi risk	Yüksek riskli hastalık kombinasyonları
9	Çok ciddi risk	Ciddi kronik hastalıklar + ek risk faktörleri
10	Çok yüksek risk	Çoklu komorbiditeler, ileri yaş
11	En yüksek risk	En yüksek hastane içi ölüm riski olan bireyler

COVID-19 Aşı Önceliklendirmesinde SHAP Analizi

Couto ve ark. Rev Saude Publica. 2022;56:11



Seçilen model:
XGBoost

AUC-ROC:
0.803 (GA 0.788–0.818)

En güçlü değişken:
Age (SHAP 0.79)



Equity-Aware Multi-Objective vaccine allocation using Machine Learning-Based Risk-Profile stratification

Khalil Bouramtane^{a,b,*}, Said Kharraja^a, Jamal Riffi^b, Omar EL Beqqali^b, Saïd Boujraf^c

^a Jean Monnet University, LASPI, F-42023 Saint-Etienne, France

^b University Sidi Mohamed Ben Abdellah, Faculty of Science Dhar El Mahraz, Laboratory of Computer Science, Innovation and Artificial Intelligence (L3IA), Fez, Morocco

^c Clinical Neuroscience Laboratory, Dept. Biophysics & Clinical MRI Methods, Faculty of Medicine, University of Sidi Mohamed Ben Abdellah, Fez, Morocco

ARTICLE INFO

Keywords:

Vaccine allocation
Pandemic preparedness
Machine learning
Risk-profile stratification
Multi-objective optimization
Equity-aware decision support

ABSTRACT

The growing impact of pandemics and infectious disease outbreaks has highlighted the need for vaccine allocation strategies that balance risk-profile protection, equity, and operational feasibility under limited healthcare resources. However, many existing approaches rely on predefined population groups and do not sufficiently integrate data-driven risk-profile information into constrained allocation planning. To address this issue, this study proposes an equity-aware decision-support framework that combines machine learning-based risk-profile stratification with multi-objective vaccine allocation. Publicly available French COVID-19 hospital-surveillance data are reorganized into analytical records to construct operational risk-profile classes for allocation-scenario analysis. A Light Gradient Boosting Machine model classifies these records into ordered risk-profile groups, which are then incorporated into a constrained allocation model. The model aims to maximize protection of higher-priority risk profiles, promote equity across predicted risk-profile groups, and minimize vaccination delays under supply and capacity constraints. The resulting optimization problem is solved using a binary Particle Swarm Optimization algorithm with constraint-handling mechanisms. Computational experiments assess algorithmic performance under a common objective-evaluation budget and examine the repair strategy, policy-weight configurations, Pareto-based compromises, classification uncertainty, scalability, and resource-capacity sensitivity. Overall, the framework supports the exploration of risk-profile-based vaccine allocation policies under constrained pandemic-response settings.



Çalışmada ne yapıldı?

Bouramtane ve ark. | Expert Systems With Applications (2027)

Equity-Aware Multi-Objective Vaccine Allocation Using Machine Learning-Based Risk-Profile Stratification

1 Amaç



Sınırlı aşı, kapasite ve zaman koşullarında; yüksek riskli grupları daha iyi koruyan, daha adil ve operasyonel olarak uygulanabilir bir aşı dağıtım çerçevesi geliştirmek.

2 Veri kaynağı



Fransa'nın kamuya açık COVID-19 hastane sürveys verileri kullanıldı.

Veriler tam bireysel elektronik sağlık kaydı olarak değil, analitik amaçla yeniden düzenlenmiş sürveys kayıtları olarak ele alındı.

3 Veri hazırlama



Tarama, harmonizasyon ve temizleme



Tekrarlı / eksik / tutarsız kayıtların çıkarılması



Kategorik değişkenlerin kodlanması



Sürekli değişkenlerin normalize edilmesi



Eğitim / test bölünmesi: %70 / %30



SMOTE yalnızca eğitim verisinde uygulandı



Son veri seti: 24.732 analitik kayıt

4 Risk profili sınıfları



Sınıf 1: Düşük risk 9.800 (%39,63)



Sınıf 2: Orta risk 7.600 (%30,73)



Sınıf 3: Yüksek risk 5.200 (%21,02)



Sınıf 4: Kritik risk 2.132 (%8,62)



Bu sınıflar operasyonel öncelik sınıflarıdır; bağımsız klinik tanı değildir.

5 Makine öğrenmesi aşaması

Amaç: oluşturulan risk profili sınıflarını öğrenmek ve tahmin etmek.



KNN



SVM



Decision Tree



Random Forest



XGBoost



LightGBM



En iyi model: LightGBM

6 Optimizasyon aşaması



Tahmin edilen risk profilleri



Çok amaçlı tahsis modeli



Aşı planı

Amaçlar (çok amaçlı optimizasyon)



Yüksek risklileri daha erken korumak



Risk grupları arasında görece eşitlik sağlamak



Aşılamaya gecikmesini azaltmak

Kısıtlar



Her birim en fazla 1 kez aşılanır



Dönemsel kapasite sınırı (Ch)



Toplam aşı arzı sınırı (V)



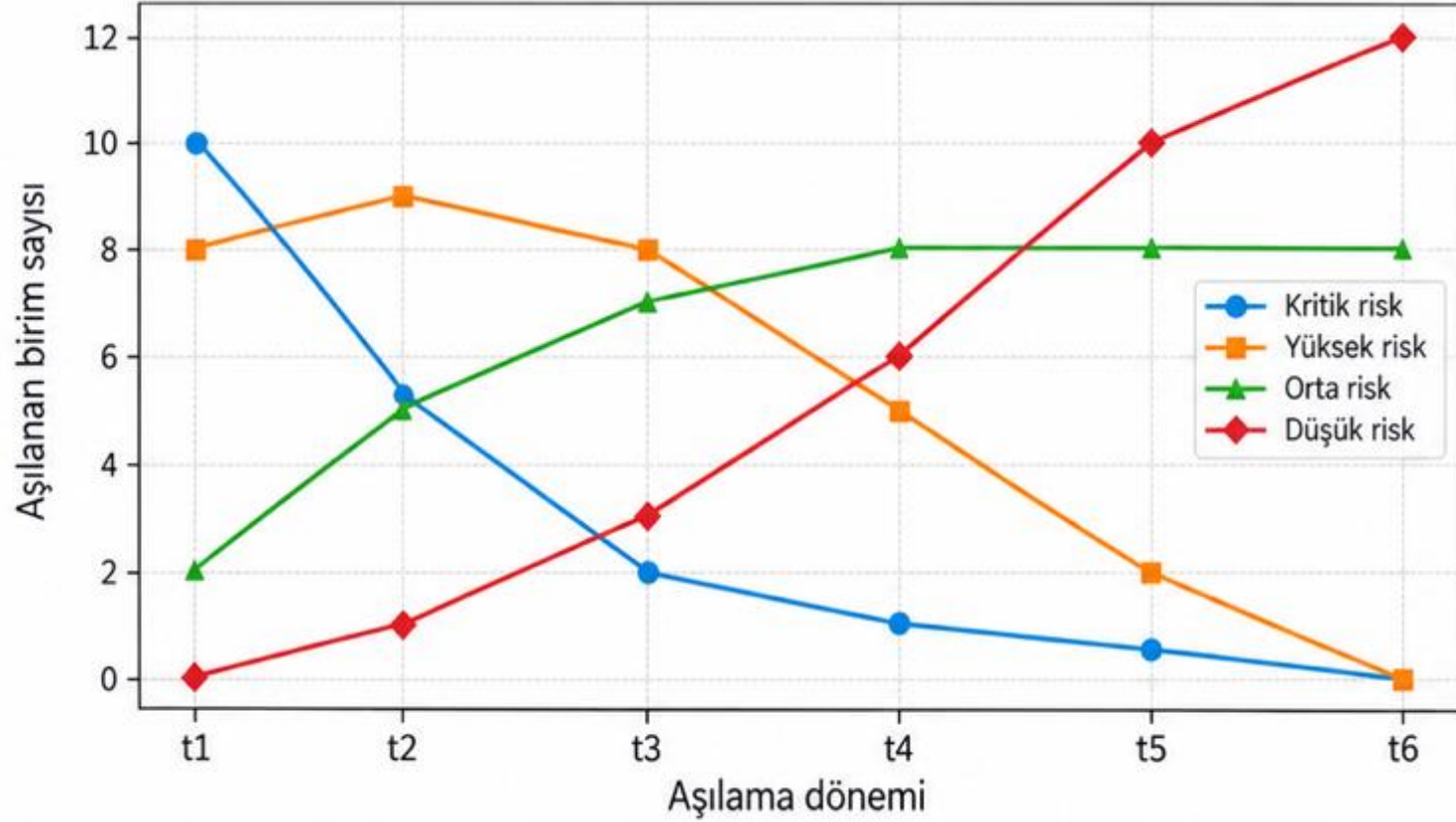
Çözüm yöntemi: ikili Particle Swarm Optimization (PSO).

Temel bulgular ve çıkarımlar

Bouramtane ve ark. | Expert Systems with Applications (2027)



Figür 3. Risk profiline göre aşılama zaman çizelgesi



1



Erken dönemlerde öncelik kritik ve yüksek risk gruplarında yoğunlaşır:

2



İlerleyen dönemlerde orta ve düşük risk gruplarının payı artar.

3



Model, risk önceliği ile zamanlama arasında anlaşılır bir dağıtım paterni üretir.



Kısa not

Bu görsel, modelin sınırlı aş ve kapasite koşullarında risk profiline göre aşılama sırasını nasıl düzenlediğini gösterir.



Risk prediction of covid-19 related death and hospital admission in adults after covid-19 vaccination: national prospective cohort study

Julia Hippisley-Cox,¹ Carol AC Coupland,^{1,2} Nisha Mehta,³ Ruth H Keogh,⁴ Karla Diaz-Ordaz,⁴ Kamlesh Khunti,⁵ Ronan A Lyons,⁶ Frank Kee,⁷ Aziz Sheikh,⁸ Shamim Rahman,⁹ Jonathan Valabhji,¹⁰ Ewen M Harrison,⁸ Peter Sellen,⁹ Nazmus Haq,⁹ Malcolm G Semple,¹¹ Peter W M Johnson,¹⁰ Andrew Hayward,¹² Jonathan S Nguyen-Van-Tam^{2,9}

For numbered affiliations see end of the article

Correspondence to:

J Hippisley-Cox
julia.hippisley-cox@phc.ox.ac.uk
(or @JuliaHCox on Twitter;
ORCID 0000-0002-2479-7283)

Additional material is published online only. To view please visit the journal online.

Cite this as: *BMJ* 2021;374:n2244
<http://dx.doi.org/10.1136/bmj.n2244>

Accepted: 13 September 2021

ABSTRACT

OBJECTIVES

To derive and validate risk prediction algorithms to estimate the risk of covid-19 related mortality and hospital admission in UK adults after one or two doses of covid-19 vaccination.

DESIGN

Prospective, population based cohort study using the QResearch database linked to data on covid-19 vaccination, SARS-CoV-2 results, hospital admissions, systemic anticancer treatment, radiotherapy, and the national death and cancer registries.

evaluated in a separate validation cohort of general practices.

RESULTS

Of 6 952 440 vaccinated patients in the derivation cohort, 5 150 310 (74.1%) had two vaccine doses. Of 2031 covid-19 deaths and 1929 covid-19 hospital admissions, 81 deaths (4.0%) and 71 admissions (3.7%) occurred 14 days or more after the second vaccine dose. The risk algorithms included age, sex, ethnic origin, deprivation, body mass index, a range of comorbidities, and SARS-CoV-2 infection rate. Incidence of covid-19 mortality increased with age



QCovid3: Çalışmada ne yapıldı?

Hippisley-Cox ve ark. | BMJ 2021;374:n2244

COVID-19 aşısı sonrası ölüm ve hastane yatışı risk tahmini

1 Amaç



COVID-19 aşısı sonrası erişkinlerde COVID-19 ilişkili ölüm ve hastane yatışı riskini tahmin eden ve doğrulayan algoritmalar geliştirmek.

2 Çalışma tasarımı



Prospektif, popülasyon temelli kohort çalışması.

3 Veri kaynağı



QResearch veritabanı; aşı kayıtları, SARS-CoV-2 test sonuçları, hastane yatışları, sistemik antikanser tedavi ve radyoterapi kayıtları, ulusal ölüm ve kanser kayıtları ile ilişkilendirildi.

4 Çalışma popülasyonu



- 19–100 yaş erişkinler
- 8 Aralık 2020 – 15 Haziran 2021
- 1 veya 2 doz aşıli bireyler
- Geliştirme kohortu: 6.952.440
- Doğrulama kohortu: 626.656

5 Outcome ve değişkenler



Outcome



Birincil outcome:
COVID-19 ilişkili ölüm



İkincil outcome:
COVID-19 ilişkili hastane yatışı



Değerlendirme:
her dozdan 14 gün sonra



Başlıca değişkenler



Yaş, cinsiyet, etnik köken, Townsend yoksunluk skoru, vücut kitle indeksi, bakım evi/evsizlik durumu, komorbiditeler, önceki SARS-CoV-2 testi ve arka plan enfeksiyon hızı.

6 Modelleme ve doğrulama



Landmark yaklaşımı



Cause-specific Cox modelleri



Multiple imputation



Ayrı doğrulama kohortu



Nihai algoritma:
QCovid3

QCovid3: Temel bulgular

Hippisley-Cox ve ark. | BMJ 2021;374:n2244

Aşı sonrası COVID-19 ilişkili ölüm ve hastane yatışı için temel sonuçlar

1 Model performansı



- Açıklanan varyans (R^2): **%74,1**
- En yüksek riskli %5'lik grupta 70 gün içindeki ölümleri saptama duyarlılığı: **%78,7**

i Kalibrasyon genel olarak iyiydi.

2 Aşı dozu etkisi



İki doz aşı, tek doza göre daha düşük risk ile ilişkiliydi.



COVID-19 ilişkili ölüm için

HR 0,17

(0,13–0,22)



COVID-19 ilişkili hastane yatışı için

HR 0,21

(0,16–0,27)



3 En yüksek riskle ilişkili durumlar

1



Down sendromu
12,68 kat

2



Böbrek transplantasyonu
8,07 kat

3



Orak hücre hastalığı
7,73 kat

4



Bakım evinde yaşama
4,14 kat

5



Kemoterapi (Grup C)
4,30 kat

6



HIV/AIDS
3,29 kat

7



Karaciğer sirozu
2,96 kat

8



Nörolojik hastalıklar
2,63 kat

9



Kemik iliği / solid organ transplantasyonu
2,49 kat

10



Demans
2,23 kat

11



Parkinson hastalığı
2,23 kat

i Hastane yatışı için de benzer bir örüntü görüldü.

5

Ana mesaj



QCovid3, aşılanmış bireylerde ciddi COVID-19 sonuçları açısından **en yüksek riskli grupları ayırt etmede güçlü performans gösterdi**. Bu tür risk tahmini, destek dozları ve erken koruyucu/tedavi edici müdahalelerin hedeflenmesine yardımcı olabilir.

Published in



Frontiers in Public Health
Infectious Diseases: Epidemiology
and Prevention

4.1 impact factor 6.4 citescor

> Editor & Reviewers

≡ Outline

Abstract

Introduction

Materials and methods

ORIGINAL RESEARCH article

Front. Public Health, 09 June 2026

Sec. Infectious Diseases: Epidemiology and Prevention

Volume 14 - 2026 | <https://doi.org/10.3389/fpubh.2026.1752720>

Analysis of an AI-powered system for vaccination screening, monitoring, and management in adults aged 50 and above



Lili Tao ^{1†}



Jiao Zhang ^{1†}



Yunhua Bai ¹



Shuming Li ^{1*}



Bin Jia ¹



Jianxin Ma ¹



Zhi Qi ¹



Zhicheng Yang ²



P



X



Z

+3 more



Y

Yanling Qiao ⁶

1. Beijing Chaoyang District Center for Disease Control and Prevention (Beijing Chaoyang District Health Supervision Institute), Beijing, China

2. Liulitun Community Health Service Center of Chaoyang District, Beijing, China

[See more](#)

Medduo Sistemi: Çalışma akışı

50 yaş ve üzeri bireylerde AI destekli aşılama tarama ve izlem süreci



Yer: Pekin, Chaoyang Bölgesi – 5 erişkin aşı merkezi



Dönem: 1 Ağustos 2023 – 30 Kasım 2024



Hedef grup: 50 yaş ve üzeri

1

Sisteme kayıt



2.813 kişi

2

Hastalık tipi kaydı



2.599 kişi

3

Aşı öncesi ön tarama



● **1.665** tamamlandı
● **934** eksik

4

Aşı günü değerlendirme



2.609 kişi

10 kişi aynı gün tarandı

5

Karar



2.553
aşılandı



24
erteleme



3
geçici uygun değil



29
aşığı reddetti

6

İzlem



24 saat
2.198



5 gün
2.325



15 gün
2.311



6 hafta
2.162



3 ay
2.213

Medduo'da AI destekli tarama nasıl çalışır?

Kural tabanlı ön değerlendirme ve aşı uygunluk kararı



Bu sistem black-box makine öğrenmesi değil;
rehber temelli kural motoru kullanır.



Uygun bulunan kişiler için önerilebilen aşılar: influenza, herpes zoster, 23-valan pnömokok, COVID-19.

Olası yan etkileri tahmin edip aşılama stratejilerinin iyileştirilmesi



Journal of Clinical and
Translational Science

Article contents

Abstract

Introduction:

Methods:

Results:

Conclusion:

Introduction

Methods

Results

A machine learning approach to identify at-risk populations for yellow fever vaccination

Published online by Cambridge University Press: 01 June 2026

[Madison Farnsworth](#) , [Kostiantyn Botnar](#) , [Justin T. Nguyen](#), [Riley K. Watson](#), [Trevor L. Murphy](#), [Susan L.F. McLellan](#), [Kamil Khanipov](#) and [George Golovko](#)

Show author details ▾

Article

Figures

Supplementary materials

Metrics



Save PDF



Share



Cite



Rights & Permissions

Abstract

Introduction:

Vaccinations play a crucial role in public and personal health. Vaccines such as the Yellow Fever 17D vaccine are effective at preventing disease and provide lifelong immunity with few adverse events. Leveraging the increase in electronic medical records and the widespread use of machine learning algorithms in healthcare, this study aims to investigate and develop an algorithmic framework for analyzing clinical data on Yellow Fever 17D vaccinations in order to predict at-risk populations for adverse events following immunizations. This research incorporates parameters from the patient's medical history and demographic information.

Sarı Humma Aşısı ve Makine Öğrenmesi

Farnsworth ve ark. | Journal of Clinical and Translational Science, 2026



1 Kohort ve veri kaynağı



- TriNetX US Collaborative Network: 113.550.505 hasta kaydı
- Mayıs 2017 – Haziran 2021 arasında sarı humma aşısı olan ve kriterleri karşılayan 25.587 kişi
- 25.122 non-severe AE
- 465 severe AE

2 Değişkenler



- 14 klinik tanı parametresi
- Demografi: yaş, cinsiyet, ırk, etnik köken
- Tanılar ikili olarak kodlandı (var/yok)
- Yaş dört gruba ayrıldı
- EHRchitect ile veri harmonizasyonu ve temizleme

3 Model geliştirme akışı



1. Veri hazırlama

Eksik/duplike kayıtların yönetimi ve standartlaştırma



2. Sınıf dengesizliği

Random undersampling ile severe/non-severe dengesinin azaltılması



3. Model eğitimi

- Random Forest
- Logistic Regression
- Gradient Boosting
- XGBoost
- Bernoulli Naïve Bayes

Aynı veri temsiliyle beş modelin eğitilmesi



4. Doğrulama

- 10-fold stratified cross-validation
- Bağımsız doğrulama



5. Açıklanabilirlik

SHAP ile feature importance

4 Severe AE tanımı



Severe AE örnekleri: ensefalit, Guillain-Barré sendromu, karaciğer yetmezliği veya hastaneye yatış gerektiren ağır solunum yetmezliği.

Sarı Humma Aşısı: Temel Bulgular

Farnsworth et al. | Journal of Clinical and Translational Science, 2026;10:e106.

1

En iyi model: Logistic Regression

Beş makine öğrenmesi algoritması karşılaştırıldı.



Precision

%87,7



Accuracy

%99,0



ROC-AUC

0,818



Severe AE sınıfı

Precision %76,0 | Recall %64,0

2

Severe ve non-severe gruplarda klinik özelliklerin prevalansı

Çalışma popülasyonunda seçilmiş
dört özelliğin dağılımı.



Severe AE (n=64,105) %

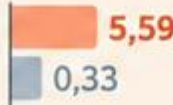
Non-severe AE (n=64,105) %



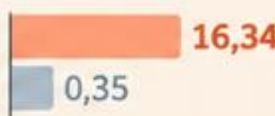
Karaciğer
hastalığı



Böbrek
hastalığı



HIV
enfeksiyonu



Kalp
hastalığı



3

Klinik değişkenlerin yorumu



Karaciğer hastalığı,

linik değişkenler arasında
model için en güçlü sınıflandırıcı parametre
olarak belirlendi.



Böbrek hastalığı,

ikinci sırada yer aldı.



Cinsiyet, ırk ve etnik köken gibi demografik
özellikler modelde belirgin bir katkı
göstermedi.

4

Sonuç



EHR tabanlı makine öğrenmesi modeli,
sarı humma aşısı sonrası ciddi advers olay riski
yüksek bireyleri belirlemede yüksek performans
gösterebilir. Bulgular, risk sınıflandırmasında
özellikle **karaciğer ve böbrek hastalığının**
önemini vurgulamaktadır.



Ana mesaj

Elektronik sağlık kayıtları ve makine öğrenmesi, sarı humma aşısı sonrası ciddi advers olay riski yüksek grupların
önceden belirlenmesine katkı sağlayabilir.

Sınırlamalar ve Sonuç

Veri kümesi tüm popülasyonu temsil etmeyebilir

Benzer hasta gruplarında aşırı öğrenme (overfitting) olabilir

Dış doğrulama eksiklikleri

Patojen mutasyonları ve aşı etkililiğindeki zamansal değişimler algoritmaların hızla eskimesine neden olabilir

Bireysel aşı takvimi, kontrendikasyon değerlendirmesi ve kişisel klinik risk analizleri için her zaman yetkili bir hekime başvurulmalıdır

Bu algoritmik bulgular toplumsal düzeyde karar destek ve Epidemiyolojik planlama aracı niteliğindedir

İNFEKSİYON
HASTALIKLARI
BİLİMSEL
TOPLANTISI

Teşekkür ederim



Katılımınız ve ilginiz için teşekkürler

