

Bölüm 57

BULAŞICI HASTALIKLARLA MÜCADELE ETMEKTE İNOVATİF SAĞLIK TEKNOLOJİLERİNİN ROLÜ



Işıl Deniz ALIRAVCI ¹

GİRİŞ

Bulaşıcı hastalıklar, dünyanın karşı karşıya olduğu en önemli sağlık ve güvenlik sorunlarından. Günümüzde nüfus artması ve faal durumun şartlarının farklılaşması bu tür enfeksiyonların ortaya çıkmasına daha çok sebebiyet vermektedir. Sorun beraberinde bazı çözümler getirmiştir ve geçtiğimiz on yılda, bulaşıcı hastalıkları önleme ve kontrol etmede dünya çapında yenilikçi yaklaşımlar ve araştırmalar yapılmıştır (1). Bu yenilikler sayesinde de hastalığın tanı ve tedavisinde izlenen yol geçmişe göre daha dijitalleşmiştir; örneğin, yapay zeka (AI), gen düzenleme, omik ve moleküler teknolojiler sayesinde daha hızlı ve daha doğru aksiyonlar almak istenmektedir. Bu teknolojilerin hastalık yükünü yüzde 6 ile 10 oranında azaltabileceği tahmin edilmektedir. Sağlıkta inovasyon sistemi; ölümcül ve bulaşıcı hastalıklar için tanı, tedavileri ve bu hastalıkların önlenmesi için bilim ve teknolojiyi kullanarak interaktif bir süreç oluşturmaktadır. Bulaşıcı hastalıkların yükünü azaltmak ve küresel hakkaniyeti sağlamak için inovatif çözümler getirmek ve bu çözümleri ihtiyaçların en fazla olduğu durum ve yerlerde etkili programlara dönüştürmek gerekir (2).

BULAŞICI HASTALIKLARIN TANISINDA İNOVATİF TEKNOLOJİ

İnfeksiyon hastalıklarında temel olan mikrobiyolojik tanı yöntemlerinde sonuç alma süresi önemli ölçüde tedaviyi etkilemektedir. Bu yüzden sonuç alma süresinin kısaltmak için tanı yöntemlerinde yenilikçi yaklaşımlar geliştirilmeye çalışılmıştır.

NÜKLEİK ASİT AMPLİFİKASYON TESTİ

Mikroorganizmaları hızlı ve yüksek düzeyde doğru bir şekilde tespit edebilen rastgele erişimli gerçek zamanlı multipleks nükleik asit amplifikasyon testleri (NAAT'ler) sonuç alma sürelerini azaltmak için kullanılır. Hızla elde edilebilen NAAT sonuçlarından enfeksiyon önleme ve kontrol uygulamalarını olumlu yönde etkileyebilir; örneğin antibiyotik dirençli genlerin belirlenmesiyle uygun tedavinin başlanması gibi sonuçlara neden olur (3). Ancak, bu testlerin her bulaşıcı hastalık için ne kadar etkin olduğu, fizibilitesi, kliniğe maliyeti ve sonucun geri dönüş sürelerinin ne olduğu konusunda belirsizlik vardır (1).

¹ Öğr. Gör. Dr., 18 Mart Çanakkale Üniversitesi Sağlık Uygulama Hastanesi dr_isild Deniz@hotmail.com

KAYNAKLAR

- Gray, J. (2015). Infection control: beyond the horizon. *Journal of Hospital Infection*, 89(4), 237-240.
- Webster, A. (2002). Innovative health technologies and the social: redefining health, medicine and the body. *Current sociology*, 50(3), 443-457.
- Sabat, A. J., Budimir, A., Nashev, D., Sá-Leão, R., Van Dijl, J. M., Laurent, F., ... & ESCMID Study Group of Epidemiological Markers (ESGEM). (2013). Overview of molecular typing methods for outbreak detection and epidemiological surveillance. *Eurosurveillance*, 18(4), 20380.
- Yuen K-S, Wang Z-M, Wong N-HM, Zhang Z-Q, Cheng T-F, Lui W-Y, et al. Suppression of Epstein-Barr virus DNA load in latently infected nasopharyngeal carcinoma cells by CRISPR/Cas9. *Virus Res.* 2018;244:296–303.
- Chertow DS. Next-generation diagnostics with CRISPR. *Science.* 2018;360:381–2
- Yang L, Güell M, Niu D, George H, Lesha E, Grishin D, et al. Genome-wide inactivation of porcine endogenous retroviruses (PERVs). *Science.* 2015;350:1101–4.
- Chen JS, Ma E, Harrington LB, Da Costa M, Tian X, Palefsky JM, et al. CRISPR-Cas12a target binding unleashes indiscriminate single-stranded DNase activity. *Science.* 2018;360:436–9.
- Niu D, Wei H-J, Lin L, George H, Wang T, Lee I-H, et al. Inactivation of porcine endogenous retrovirus in pigs using CRISPR/Cas9. *Science.* 2017;357:1303–7.
- Gootenberg JS, Abudayyeh OO, Lee JW, Essletzbichler P, Dy AJ, Joung J, et al. Nucleic acid detection with CRISPR-Cas13a/C2c2. *Science.* 2017;356:438–42.
- Myhrvold C, Freije CA, Gootenberg JS, Abudayyeh OO, Metsky HC, Durbin AF, et al. Field-deployable viral diagnostics using CRISPR-Cas13. *Science.* 2018;360:444–8.
- Broughton JP, Deng X, Yu G, Fasching CL, Servellita V, Singh J, et al. CRISPR-Cas12-based detection of SARS-CoV-2. *Nat Biotechnol.* 2020;38:870–4
- Binnie, A., Fernandes, E., Almeida-Lousada, H., De Mello, R. A., & Castelo-Branco, P. (2021). CRISPR-based strategies in infectious disease diagnosis and therapy.
- Kuşkucu, M. A. Mikrobiyoloji Ve İnfeksiyon Hastalıklarında Omikler Ve Uygulamaya Yansımaları ANKEM Derg 2013;27(Ek 2):95-100
- Carbonnelle E, Mesquita C, Bile E et al. MALDITOF mass spectrometry tools for bacterial identification in clinical microbiology laboratory, *Clin Biochem* 2011;44(1):104-9.
- Free, C., G. Phillips, L. Galli, L. Watson, L. Felix, P. Edwards, P. Patel and A. Haines. 2013. The effectiveness of mobile-health technology-based health behaviour change or disease management interventions for health care consumers: A systematic review. *PLoS Medicine* 10(1):1–45. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1001362>.
- Nilsen, W., S. Kumar, A. Shar, C. Varoquiers, T. Wiley, W. T. Riley, M. Pavel, and A. A. Atienza. 2012. Advancing the Science of mHealth. *Journal of Health Communication* 17 Suppl 1:5-10. <https://doi.org/10.1080/10810730.2012.677394>.
- Adans-Dester, C. P., S. Bamberg, F. P. Bertacchi, B. Caulfield, K. Chappie, D. Demarchi, M. K. Erb, J. Estrada, E. E. Fabara, M. Freni, K. E. Friedl, R. Ghaffari, G. Gill, M. S. Greenberg, R. W. Hoyt, E. Jovanov, C. M. Kanzler, D. Katabi, M. Kernan, C. Kigin, S. I. 2020. Can mHealth Technology Help Mitigate the Effects of the COVID-19 Pandemic? *IEEE Open Journal of Engineering in Medicine and Biology* (1):243-248. <https://hdl.handle.net/1721.1/128713>.
- Blasimme, A., and E. Vayena. 2020. What's Next for COVID-19 Apps? Governance and Oversight. *Science* 370(6518):760-762. <https://doi.org/10.1126/science.abd9006>
- Christaki, E. (2015). New technologies in predicting, preventing and controlling emerging infectious diseases. *Virulence*, 6(6), 558-565.
- Jones KE, Patel NG, Levy MA, Storeygard A, Balk D, Gittleman JL, Daszak P. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 2008; 451:990-3; PMID:18288193; <http://dx.doi.org/10.1038/nature06536>
- Morse SS, Mazet JA, Woolhouse M, Parrish CR, Carroll D, Karesh WB, Zambrana-Torrel C, Lipkin WI, Daszak P. Prediction and prevention of the next pandemic zoonosis. *Lancet* 2012; 380:1956-65; PMID:23200504; [http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736\(12\)61684-5](http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736(12)61684-5)
- Khan K, Arino J, Hu W, Raposo P, Sears J, Calderon F, Heidebrecht C, Macdonald M, Liauw J, Chan A, et al. Spread of a novel influenza A (H1N1) virus via global airline transportation. *N Engl J Med* 2009; 361:212-4; PMID:19564630; <http://dx.doi.org/10.1056/NEJMc0904559>
- Colizza V, Barrat A, Barthélemy M, Vespignani A. Predictability and epidemic pathways in global outbreaks of infectious diseases: the SARS case study. *BMC Med* 2007; 5:34; PMID:18031574; <http://dx.doi.org/10.1186/1741-7015-5-34>
- Polanco C, Castanon-Gonzalez JA, Macias AE, Samaniego JL, Buhse T, Villanueva-Martinez S. Detection of severe respiratory disease epidemic outbreaks by CUSUM-based overcrowd-severe-respiratory-diseaseindex model. *Comput Math Methods Med* 2013; 2013:213206; PMID:24069063; <http://dx.doi.org/10.1155/2013/213206>
- Chin, C. S., Sorenson, J., Harris, J. B., Robins, W. P., Charles, R. C., Jean-Charles, R. R., ... & Waldor, M. K. (2011). The origin of the Haitian cholera outbreak strain. *New England Journal of Medicine*, 364(1), 33-42.
- Henderson JP, Crowley JR, Pinkner JS et al. Quantitative metabolomics reveals an epigenetic blueprint for iron acquisition in uropathogenic *Escherichia coli*. *PLoS Pathog* 2009;5(2):e1000305. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.ppat.1000f305>
- Bengochea JA. Infection systems biology: from reactive to proactive (P4) medicine, *Int Microbiol* 2012;15(2):55-60
- Yang J, Yang Z, Lv H et al. Bridging HIV-1 Cellular Latency and Clinical Long-Term Non-Progressor: An In-

- teractomic View, PLoS One 2013;8(2):e55791.
29. Pronker ES, Weenen TC, Commandeur H, Claassen EH, Osterhaus AD. Risk in vaccine research and development quantified. PLoS ONE (2013) 8:e57755. 10.1371/journal.pone.0057755 [PMC free article]
 30. Ramezanpour B, Haan I, Osterhaus A, Claassen E. Vector-based genetically modified vaccines: exploiting Jenner's legacy. *Vaccine* (2016) 34:6436–48. 10.1016/j.vaccine.2016.06.059
 31. Humphreys IR, Sebastian S. Novel viral vectors in infectious diseases. *Immunology* (2018) 153:1–9. 10.1111/imm.12829
 32. Weissman D, Pardi N, Muramatsu H, Kariko K. HPLC purification of in vitro transcribed long RNA. *Methods Mol Biol.* (2013) 969:43–54. 10.1007/978-1-62703-260-5_3
 33. Kariko, K., Muramatsu, H., Ludwig, J., & Weissman, D. (2011). Generating the optimal mRNA for therapy: HPLC purification eliminates immune activation and improves translation of nucleoside-modified, protein-encoding mRNA. *Nucleic acids research*, 39(21), e142-e142.
 34. Şengün, H. (2016). Sağlık hizmetleri sunumunda inovasyon. *Med Bull Haseki*, 54, 194-8.