

BÖLÜM 4

MOLEKÜLER EPİDEMİYOLOJİDE YAPAY ZEKANIN ROLÜ: BİBLİYOMETRİK ANALİZ

Yasemin BERBEROĞLU¹

Yasemin ADALI²

GİRİŞ

Bibliyometrik analiz, son yıllarda bilimsel araştırmalarda daha fazla önem kazanan, araştırma üretkenliğini ve etki düzeyini değerlendirmeye yönelik kullanılan aynı zamanda araştırma içeriğinin hızlı, doğru ve sistematik biçimde anlaşılmasına olanak tanıyan güçlü bir yöntemdir. Bu yöntem, bilimsel yayınların nicel göstergeler üzerinden incelenmesine dayanarak belirli bir alandaki araştırma eğilimlerinin sistematik biçimde değerlendirilmesine olanak tanımaktadır. Araştırma performansının ölçülmesinde kullanılan bu yöntem, yalnızca yayın sayısı veya atıf sayısı gibi temel göstergeleri değil, aynı zamanda yazar, kurum, ülke, dergi ve disiplinler arası etkileşimler gibi daha farklı parametreleri de değerlendirmektedir (Adali vd., 2025; Aydin, 2024; Berberoğlu vd., 2025; Boulesteix vd., 2020).

Moleküler epidemiyoloji, hastalıkların dağılımını ve nedenlerini moleküler düzeyde inceleyen bir bilim dalıdır. Temel amacı, genetik, biyolojik ve çevresel faktörlerin hastalıkların ortaya çıkışı ve ilerlemesindeki rolünü anlamaktır. Geleneksel epidemiyolojiden farkı, sadece popülasyon düzeyinde gözlem yapmak yerine, hastalığı moleküler ve genetik belirteçlerle ilişkilendirmesidir (Sung & Hopper, 2023; Tümmler, 2020). Ancak elde edilen verilerin artmasıyla birlikte moleküler epidemiyoloji araştırmalarında klasik istatistiksel yöntemler çalışmaları sınırlamaktadır. Bu noktada ise yapay zeka desteği ile oluşturulan modeller ve algoritmalar ile çalışılmaktadır (Ahmed vd., 2024; Hamilton vd., 2021; Puniya, 2025; Venturini vd., 2025; Ye vd., 2025).

¹ Arş. Gör, Pamukkale Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyofizik AD., yasemins@pau.edu.tr, ORCID iD: 0000-0003-4226-674X

² Dr. Öğr. Üyesi, Pamukkale Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyofizik AD., yadali@pau.edu.tr, ORCID iD: 0000-0002-6314-4816

KAYNAKLAR

- Adali, Y., Aydın, V. K., Berberoğlu, Y., & Koseler, A. (2025). Research Trends on TNF-Alpha Polymorphisms and Psoriasis: A Bibliometric Analysis. *Acta Medica Nicomedia*, 8(1), 23–29. <https://doi.org/10.53446/ACTAMEDNICOMEDIA.1554862>
- Ahmed, Z., Wan, S., Zhang, F., & Zhong, W. (2024). Artificial intelligence for omics data analysis. *BMC Methods* 2024 1:1, 1(1), 1–4. <https://doi.org/10.1186/S44330-024-00004-5>
- Aydın, N. (2024). Bibliyometrik Analiz Nasıl Yapılır: Genel Bakış. *Balkan and Near Eastern Journal of Social Sciences Balkan ve Yakın Doğu Sosyal Bilimler Dergisi Aydın*, 10.
- Berberoğlu, Y., Adali, Y., Kaan Aydın, V., & Köseleler, A. (2025). Bibliometric Analysis of miRNA Studies in the Field of Biophysics: Descriptive Study. *Türkiye Klinikleri Tıp Bilimleri Dergisi*, 45(3), 121–129. <https://doi.org/10.5336/MEDSCI.2025-108255>
- Boulesteix, A. L., Wright, M. N., Hoffmann, S., & König, I. R. (2020). Statistical learning approaches in the genetic epidemiology of complex diseases. *Human Genetics*, 139(1), 73–84. <https://doi.org/10.1007/S00439-019-01996-9/FIGURES/4>
- Chen, C. J., Yu, M. W., & Liaw, Y. F. (1997). Epidemiological characteristics and risk factors of hepatocellular carcinoma. *Journal of Gastroenterology and Hepatology*, 12(9–10), S294–S308. <https://doi.org/10.1111/J.1440-1746.1997.TB00513.X>
- Das, S., Dey, M. K., Devireddy, R., & Gartia, M. R. (2023). Biomarkers in Cancer Detection, Diagnosis, and Prognosis. *Sensors* 2024, Vol. 24, Page 37, 24(1), 37. <https://doi.org/10.3390/S24010037>
- Faye, O., Freire, C. C. M., Iamarino, A., Faye, O., de Oliveira, J. V. C., Diallo, M., Zanutto, P. M. A., & Sall, A. A. (2014). Molecular Evolution of Zika Virus during Its Emergence in the 20th Century. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 8(1), e2636. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PNTD.0002636>
- Furberg, A. H., & Ambrosone, C. B. (2001). Molecular epidemiology, biomarkers and cancer prevention. *Trends in Molecular Medicine*, 7(11), 517–521. [https://doi.org/10.1016/S1471-4914\(01\)02162-1](https://doi.org/10.1016/S1471-4914(01)02162-1)
- Gao, F., Yue, L., Robertson, D. L., Hill, S. C., Hui, H., Biggar, R. J., Neequaye, A. E., Whelan, T. M., Ho, D. D., Shaw, G. M., Sharp, P. M., & Hahn, B. H. (1994). Genetic diversity of human immunodeficiency virus type 2: evidence for distinct sequence subtypes with differences in virus biology. *Journal of Virology*, 68(11), 7433–7447. <https://doi.org/10.1128/JVI.68.11.7433-7447.1994>
- Hamilton, A. J., Strauss, A. T., Martinez, D. A., Hinson, J. S., Levin, S., Lin, G., & Klein, E. Y. (2021). Machine learning and artificial intelligence: applications in healthcare epidemiology. *Antimicrobial Stewardship & Healthcare Epidemiology*, 1(1), e28. <https://doi.org/10.1017/ASH.2021.192>
- Kremer, K., Van Soelingen, D., Frothingham, R., Haas, W. H., Hermans, P. W. M., Martin, C., Palitapongarnpim, P., Plikaytis, B. B., Riley, L. W., Yakrus, M. A., Musser, J. M., & Van Embden, J. D. A. (1999). Comparison of Methods Based on Different Molecular Epidemiological Markers for Typing of Mycobacterium tuberculosis Complex Strains: Interlaboratory Study of Discriminatory Power and Reproducibility. *Journal of Clinical Microbiology*, 37(8), 2607–2618. <https://doi.org/10.1128/JCM.37.8.2607-2618.1999>
- Levine, M., Rumsey, S. C., Daruwala, R., Park, J. B., & Wang, Y. (1999). Criteria and Recommendations for Vitamin C Intake. *JAMA*, 281(15), 1415–1423. <https://doi.org/10.1001/JAMA.281.15.1415>
- Lin, H.-Y., & Park, J. Y. (2023). Epidemiology of Cancer. *Anesthesia for Oncological Surgery*, 11–16. https://doi.org/10.1007/978-3-031-50977-3_2
- Ogino, S., Nishihara, R., Vanderweele, T. J., Wang, M., Nishi, A., Lochhead, P., Qian, Z. R., Zhang, X., Wu, K., Nan, H., Yoshida, K., Milner, D. A., Chan, A. T., Field, A. E., Camargo, C. A., Williams, M. A., & Giovannucci, E. L. (2016). Review article: The role of molecular pathological epidemiology in the study of neoplastic and non-neoplastic diseases in the era of precision medicine. *Epidemiology*, 27(4), 602–611. <https://doi.org/10.1097/EDE.0000000000000471>
- Perrone, B., Ruffo, P., Augimeri, G., Sisci, D., Sinicropi, M. S., Tripepi, G., Mammi, C., Bonofiglio, D., & Conforti, F. L. (2023). Association between HMGCR, CRP, and CETP gene polymorphisms and metabolic/inflammatory serum profile in healthy adolescents. *Journal of Translational Me-*

- dicine*, 21(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/S12967-023-04571-Z/TABLES/3>
- Puniya, B. L. (2025). Artificial-intelligence-driven Innovations in Mechanistic Computational Modeling and Digital Twins for Biomedical Applications. *Journal of Molecular Biology*, 437(17), 169181. <https://doi.org/10.1016/J.JMB.2025.169181>
- Read, C. M., Monis, P. T., & Thompson, R. C. A. (2004). Discrimination of all genotypes of *Giardia duodenalis* at the glutamate dehydrogenase locus using PCR-RFLP. *Infection, Genetics and Evolution*, 4(2), 125–130. <https://doi.org/10.1016/J.MEEGID.2004.02.001>
- Redline, S., Tishler, P. V., Tosteson, T. D., Williamson, J., Kump, K., Browner, I., Ferrette, V., & Krejci, P. (2012). The familial aggregation of obstructive sleep apnea. <https://doi.org/10.1164/ajrccm.151.3.7881656>, 151(3 I), 682–687. <https://doi.org/10.1164/AJRCCM.151.3.7881656>
- Scher, A. I., Terwindt, G. M., Picavet, H. S. J., Verschuren, W. M. M., Ferrari, M. D., & Launer, L. J. (2005). Cardiovascular risk factors and migraine. *Neurology*, 64(4), 614–620. <https://doi.org/10.1212/01.WNL.0000151857.43225.49>
- Schwartz, S. M. (2024). Epidemiology of Cancer. *Clinical Chemistry*, 70(1), 140–149. <https://doi.org/10.1093/CLINCHEM/HVAD202>
- Shi, Y., Au, J. S. K., Thongprasert, S., Srinivasan, S., Tsai, C. M., Khoa, M. T., Heeroma, K., Itoh, Y., Cornelio, G., & Yang, P. C. (2014). A Prospective, Molecular Epidemiology Study of EGFR Mutations in Asian Patients with Advanced Non-Small-Cell Lung Cancer of Adenocarcinoma Histology (PIONEER). *Journal of Thoracic Oncology*, 9(2), 154–162. <https://doi.org/10.1097/JTO.0000000000000033>
- Sintchenko, V., & Holmes, E. C. (2015). The role of pathogen genomics in assessing disease transmission. *BMJ*, 350. <https://doi.org/10.1136/BMJ.H1314>
- Sitinjak, B. D. P., Barliana, M. I., Murdaya, N., Rachman, T. A., & Zakiah, N. (2023). The Potential of Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) as Biomarkers and Their Association with the Increased Risk of Coronary Heart Disease: A Systematic Review. *Vascular Health and Risk Management*, 19, 289–301. <https://doi.org/10.2147/VHRM.S405039>
- Sung, J., & Hopper, J. L. (2023). Co-evolution of epidemiology and artificial intelligence: challenges and opportunities. *International Journal of Epidemiology*, 52(4), 969–973. <https://doi.org/10.1093/IJE/DYAD089>
- Tümmler, B. (2020). Molecular epidemiology in current times. *Environmental Microbiology*, 22(12), 4909–4918. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15238>
- Vasan, R. S. (2006). Biomarkers of Cardiovascular Disease. *Circulation*, 113(19), 2335–2362. <https://doi.org/10.1161/CIRCULATIONAHA.104.482570>
- Venturini, P., Faria, P. L., & Cordeiro, J. V. (2025). AI and omics technologies in biobanking: Applications and challenges for public health. *Public Health*, 243, 105726. <https://doi.org/10.1016/J.PUHE.2025.105726>
- Vineis, P., & Perera, F. (2007). Molecular Epidemiology and Biomarkers in Etiologic Cancer Research: The New in Light of the Old. *Cancer Epidemiology, Biomarkers & Prevention*, 16(10), 1954–1965. <https://doi.org/10.1158/1055-9965.EPI-07-0457>
- Ye, Y., Pandey, A., Bawden, C., Sumsuzzman, D. M., Rajput, R., Shoukat, A., Singer, B. H., Moghadas, S. M., & Galvani, A. P. (2025). Integrating artificial intelligence with mechanistic epidemiological modeling: a scoping review of opportunities and challenges. *Nature Communications*, 16(1), 1–18. <https://doi.org/10.1038/S41467-024-55461-X;SUBJMETA>