

۱- دکتر امیرحسین بحرالعلومیان؛
دکتری تخصصی مهندسی پزشکی
۲- مهندس منیره توکلی (کارشناس ارشد
مهندسی پزشکی)

کاربرد هوش مصنوعی در تشخیص های آزمایشگاهی - بخش چهارم

روش ها

یک مرور کلی از مطالعات منتشر شده بین سال های ۲۰۱۲ تا ۲۰۲۲ انجام شده است که از روش های هوش مصنوعی، به ویژه الگوریتم های یادگیری ماشین، برای استخراج نتایج بالینی از آزمایش های خون روتین استفاده کرده بودند. با تحقیق روی کلمات 'هوش مصنوعی یا یادگیری ماشین و آزمایش های خون روتین' در پایگاه داده الکترونیکی PubMed[®]، ۱۶۴ مقاله یافت شد که وارد مرحله غربالگری شده اند.

از نرم افزار مدیریت Rayyan استفاده کردیم تا گزارش های پیدا شده را وارد کنیم و معیارهای انتخاب از بین آن ها برای مطالعه اعمال شد. مطالعاتی انتخاب شدند که به زبان انگلیسی بودند و تشخیص یا پیش آگاهی بیماری های ICD-10 را فقط براساس پارامترهای خونی از پیش تعریف شده گزارش کرده بودند؛ این پارامترها شامل RBC، هموگلوبین، هماتوکریت WBC، RDW، MCV، نوتروفیل ها، ائوزینوفیل ها، بازوفیل ها، لنفوسیت ها، پلاکت ها، گلوکز، اوره، کراتینین، پتاسیم، سدیم، کلرید، آلبومین، ALT، AST، ALP، کلسیم، تری گلیسیریدها، HDL کلسترول، کلسترول توتال، LDL کلسترول، اسید اوریک، TSH، GGT و CRP بودند. این تحلیل شامل مطالعاتی که پارامترهای سایر بیوفلوئیدها یا مارکرهای سیستماتیک، متاآنالیزها، پروتکل ها، نظرات و فصول کتاب را شامل می شدند، نبود.

از طبقه بندی بین المللی ICD-10 برای طبقه بندی ۵۴ مطالعه استفاده شد و به ۱۰ کلاس بیماری تقسیم شدند: عفونت ها (یا بیماری های انگلی)، نئوپلاسم ها، خون، غدد درون ریز (تغذیه ای یا متابولیک)، روانی (رفتاری یا تحولی)، گردش خون، تنفسی، گوارشی، ادراری-تناسلی و بیماری های خاص (COVID-19).

مروری بر مطالعات یادگیری ماشینی براساس

آزمایشات روتین خون به منظور تشخیص یا پیش

آگاهی پاتولوژی های ICD-10

بیشتر مطالعات پوشش داده شده در این مرور در دسته تشخیص قرار می گیرند؛ استثناها در ستون نتیجه هر مطالعه مشخص شده اند. در ادامه، توضیح می دهیم که چگونه یادگیری ماشین به کار گرفته شده است تا استخراج بالینی معتبر از آزمایش های خون روتین برای بیماری های خاص (با استفاده از طبقه بندی ICD-10 به عنوان مرجع) انجام شود.

بیماری های عفونی یا انگلی (ICD-10 class I)

عفونت های انگلی شامل ویروس لنفوتروپیک T انسانی، باکتریایی، عفونت جریان خون، عفونت باکتریایی عمومی (در اتاق عمل و در زمان پذیرش بیمارستان)، مالاریا و دنگی مورد مطالعه قرار گرفتند. در این مطالعات از شاخص های خون شناسی معمول عفونت مانند گلبول های سفید، پلاکت ها، گلوکز، کراتینین، آلبومین، AST و CRP استفاده شد. با این حال، استثناهایی مربوط به انتخاب ویژگی در عفونت محل جراحی (ALP و سدیم)، مالاریا (MPV، RBC، MCV)، باکتریایی (MPV) و عفونت جریان خون (RDW) وجود داشت.

مطالعات مربوط به عفونت محل جراحی رابطه بین زمان آنالیز خون و پیش بینی تشخیص را مورد توجه قرار دادند. پیشرفت قابل توجهی توسط Kocbek و همکاران با پیش بینی مدل کامل لاسو (AUC=0.95) در بازه های زمانی مختلف (۱۵، ۳۰ و ۶۰ روز) حاصل شد که از یافته های Soguero-Ruiz



اعتبارسنجی داخلی مشخص کرد که عملکرد این الگوریتم عالی ($AUC > 0.90$) با حساسیت ۹۵٫۸٪ است. باکتری‌می اولین بار در سال ۲۰۱۴ توسط Ratzinger و همکاران در یک مطالعه مقطعی با بزرگ‌ترین گروه مرتبط با بیماری‌های عفونی ($n=15,985$) با ۱,۲۸۶ مورد نتیجه کشت خون مثبت مطالعه شد:

E. coli ($n=406$), *S. aureus* ($n=297$), *K. pneumoniae* ($n=83$) و سایر موارد ($n=500$). مجموعه داده به مجموعه‌های آموزشی و اعتبارسنجی تقسیم شد و همچنان شیوع ۸٪ باکتری‌می حفظ شد. با تحلیل آماری NE/WBC به عنوان مهم‌ترین پیش‌بینی‌کننده فردی ($AUC=0.694$) شناسایی شد. الگوریتم A2DE (مبتنی بر بیزساده) دو مدل با عملکرد مشابه تولید کرد: مدل ۱ (متغیر، $NPV=0.966$) و مدل ۲ (متغیر، $NPV=0.966$). براساس اعتبارسنجی داخلی عملکرد طبقه‌بندی دو مدل ثابت بود و ویژگی‌های سن، کراتینین، CRP، اتوزینوفیل، بیلی‌روبین، لنفوسیت‌ها، مونوسیت‌ها، مونوسیت‌ها (%،) و نوتروفیل‌ها (%،) و سدیم به عنوان پیش‌بینی‌کننده‌های مهم باکتری‌می انتخاب شد. Mooney و همکاران بر روی گروه باردار یا پس از زایمان تمرکز کردند، که شیوع باکتری‌می در آن‌ها پایین‌تر بود (تقریباً ۳٪ در ۲۵۵ بیمار). با پشتیبانی از شاخص‌های MPV، NLR، و BA به $NPV=97.4\%$ ، طبقه‌بندی‌کننده جنگل تصادفی به دست آمد. در نهایت، Zoabi و همکاران یک درخت تصمیم تقویت شده با گرادیان به منظور تشخیص عفونت در گردش خون بررسی کردند و نتایج مدل کامل ($AUC=0.83$) و فشرده ($AUC=0.81$) را با امتیازات قراردادی استاندارد ($AUC=0.62$) مقایسه کردند. ارزیابی این مدل در دسترس است و این مطالعه را از مطالعات قبلی متمایز می‌کند به طوری که امکان ارزیابی آینده‌نگرانه روش را فراهم می‌کند.

در شماره‌های بعدی به بررسی کاربردهای بیشتری از هوش مصنوعی در تشخیص‌های آزمایشگاهی خواهیم پرداخت.

و همکاران ($AUC=0.87$) بهره‌می‌برد، این یافته‌ها بیان می‌کنند که بر ساختار زمانی آنالیز خون باید دقت داشت تا عملکرد طبقه‌بندی بهبود یابد. ALP به عنوان ویژگی برای عفونت جراحی پس از عمل انتخاب شد و سدیم برای عفونت محل حین عمل جراحی انتخاب شد. مالاریا برای طبقه‌بندی نظارت شده مطالعه شد با قدرت تمایز بین مالاریای پیچیده (UM)، مالاریای شدید (SM) و عفونت‌های غیرمالاریایی (nMI). یک شبکه عصبی مصنوعی با سه لایه مختلف با استفاده از ویژگی‌های متمایزکننده برای هر تشخیص مدل‌سازی شد. جالب توجه است که SM از nMI بر اساس ترکیب منحصر به فرد MPV و MCV به عنوان طبقه‌بندی‌کننده‌های SM ($AUC=0.98$) تفکیک شد. UM و nMI نیز بر اساس PLT، RBC و LY ($AUC=0.86$) تمایز داده شدند.

رویکرد تشخیص دنگی و رویکرد تشخیص مالاریا از هم متفاوت بود. Ho و همکاران احتمال وقوع بیماری را در بازه زمانی از پیش تعیین شده ۳۵ هفته ارزیابی کردند. داده‌های بالینی به یک شبکه عصبی عمیق در رقابت با سایر یادگیرندگان داده شد که به اعتبارسنجی داخلی با حساسیت بیشتر از ۹۰٪ در یک گروه با شیوع ۳٪ دست یافت. جالب توجه است که یادگیرندگان ضعیف عملکرد مشابهی داشتند، که نشان‌دهنده ارزش داده‌های بالینی فقط بر اساس سن، دما و WBC است. عفونت ویروس لنفوتروپیک T انسانی نوع I، یک رتروویروس شناخته شده است که در اکثر موارد بدون علامت است و در تعداد کمی از بیماران به بدخیمی و بیماری‌های عصبی تکامل می‌یابد. مجموعه داده مورد استفاده بین سه نتیجه: طبیعی ($n=101$)، لوسمی ($n=94$) و HTLV-I ($n=107$) تعادل نسبی دارد. مدل طبقه‌بندی نظارت شده براساس الگوریتم درخت تصمیم CHAID است، که تشخیص خودکار برهمکنش χ^2 است. این الگوریتم ارتباط بین ویژگی‌های ورودی را با سه سطح بیماری بررسی می‌کند و با ارزیابی آن عملکرد طبقه‌بندی را به حداکثر می‌رساند. بیماران براساس اطلاعات لکوسیت‌ها، پلاکت‌ها و درصد اتوزینوفیل‌ها شناسایی شدند و