

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



## کاربرد هوش مصنوعی در تشخیص های آزمایشگاهی - بخش ششم

### بیماری های غدد درون ریز، تغذیه ای یا متابولیک (ICD-10 کلاس IV)

این مرور به بررسی بیماری های غدد درون ریز، تغذیه ای یا متابولیک می پردازد که عمدتاً در تشخیص دیابت نوع ۲ (T2DM) و پیش بینی قند خون در دیابت نوع ۱ (T1DM) و عوارض ناشی از آن (مقاومت به انسولین، پلی نوراپاتی و هیپوگلیسمی القایی) کاربرد دارد.

در مورد تشخیص، کوپیتار و همکاران به بررسی دیابت نوع ۲ در مراحل اولیه بر روی یک گروه ۳,۷۲۳ نفری پرداختند و از الگوریتم های مختلف یادگیری ماشین (ML) استفاده کردند، اما بهبود قابل توجهی در دقت تشخیص یا ویژگی های جدید مرتبط مشاهده نشد (کوپیتار و همکاران، ۲۰۲۰). در واقع، نویسندگان نتیجه گیری کردند که مدل در رگرسیون خطی نسبت به سایر الگوریتم های یادگیری ثبات خوبی دارد. داده های رو به افزایشی که در سوابق سلامت الکترونیکی بیماران موجود است، برای به روزرسانی مدل های پیش بینی و تثبیت ویژگی های مهم مانند هایپرگلیسمی، سن، HDL-کلسترول و تری گلیسیریدها کاربردی است.

کوشنر و همکاران با استفاده از یک شبکه عصبی سطحی مبتنی بر نظارت مداوم قند خون توانستند مقدار آن را در دیابت نوع ۱ (T1DM) پیش بینی کنند (کوشنر و همکاران، ۲۰۲۰). نتایج نشان دهنده بهبود وضعیت کنونی از طریق پیش بینی طولانی تر ( $t=240$ ) دقیقه در مقابل ۱۲۰ دقیقه با خطای کمتر (RMSE، ۶۰ دقیقه = ۲۸ mg/dL در مقابل ۴۳ mg/dL) بود.

برناردینی و همکاران در ابتدا عوارض بیماری را با ارزیابی عوامل بالینی مرتبط با مقاومت به انسولین بررسی کردند (برناردینی و همکاران، ۲۰۱۹). جنگل رگرسیون تجمعی، شناسایی پارامترهای غیرگلیسمی خون (HDL و کلسترول کل، سن، اوریکمیا، WBC

و GGT) را ممکن می ساخت، این عوامل بالینی می توانند کاهش قند را به صورت زود هنگام تشخیص دهند. این یافته ها با نتایج قبلی که به طور جداگانه اوریکمیا و WBC را به شرایط مقاوم به انسولین و GGT در افراد با خطر بالا برای T2DM مرتبط می کرد، همخوانی دارد.

مطالعات روی نمونه های بزرگتر، از الگوریتم های طبقه بندی نظارت شده استفاده کردند تا بتوانند خطر پلی نوراپاتی ( $n=5,846$ ) و هیپوگلیسمی iatrogenic را پیش بینی کنند. در مورد پلی نوراپاتی، نویسندگان دریافتند که مدل های مختلف یادگیری ماشین (ML) انتخاب ویژگی های متفاوتی را تولید کرده و معیارهای طبقه بندی متفاوتی را به همراه داشته اند. آن ها ارتباط هم زمانی ها (مانند نفروپاتی یا رتینوپاتی) را با افزایش ( $AUC=0.892$ ) ANN، افزایش سطح نوتروفیل ها در تقویت جنگل های تصادفی ( $AUC=0.898$ ) یا سطح قند خون در رگرسیون خطی ( $AUC=0.892$ ) مرتبط کردند. نکته قابل توجه این است که یافته اصلی پیشنهاد می کند انتخاب الگوریتم یادگیری ماشین نه تنها باید معیارهای عملکرد را در نظر بگیرد، بلکه باید نوع اطلاعات بالینی مورد ارزیابی را نیز در نظر داشته باشد: شناسایی نشانگرهای زود هنگام (مانند شبکه های عصبی مصنوعی) یا دیر هنگام (مانند رگرسیون خطی) پلی نوراپاتی، یا شناسایی مکانیسم های پاتوفیزیولوژیک (مانند درخت های تصمیم گیری).

خطر ابتلا به هیپوگلیسمی iatrogenic (قند  $\geq 7$  mg/dL) توسط ماتیوداکیس و همکاران با استفاده از یک مدل ML تقویت گردیدان تصادفی در یک مطالعه داده وسیع ( $n=1,612,425$ ) بررسی شد (ماتیوداکیس و همکاران، ۲۰۲۱). معیارهای



تا یک ابزار تشخیصی کم هزینه را بتوان ساخت. نتایج نشان داد که الگوریتم جنگل های تصادفی دقت متوسطی (۸۶-۹۰٪) برای پیش بینی افسردگی دارد که با سایر مطالعات مشابه همخوانی دارد. به دلیل استفاده از اطلاعات پایه ای برای پیش بینی افسردگی در طول پیگیری و استفاده از PHQ-9 برای اندازه گیری افسردگی این مطالعه محدودیت هایی را دارد. در مجموع، این مطالعات نشان می دهند که با استفاده از روش های یادگیری ماشین می توان به پیش بینی دقیق تری از افسردگی دست یافت، اما نیاز به مطالعات بیشتر با حجم نمونه بزرگتر و استفاده از معیارهای تشخیصی استاندارد افسردگی وجود دارد.

انتخاب ویژگی ها با استفاده از روش پس رو مرحله ای انجام شد که با مدل سازی تمام ویژگی ها آغاز می شود و به تدریج کم اهمیت ترین ویژگی را در مراحل تکراری حذف می کند تا زمانی که تمام ویژگی ها از مدل حذف شوند. نتایج در چهار گروه مختلف مشابه بود: در گروه داده های کامل (نسبت درآمد به فقر (RDW، AUC=0.83، GGT، RIP، گلوکز، تری گلیسیرید و کراتینین، در گروه اضافه وزن و چاقی (GGT، RIP، کراتینین، RDW و گلوکز، AUC=0.80)، در گروه دیابت (GGT، ائوزینوفیل ها، RIP، بازوفیل ها و ائوزینوفیل ها، AUC=0.82) و در بیماران مبتلا به سندرم متابولیک (GGT، RIP، ائوزینوفیل ها، بیلی روبین و بازوفیل ها، AUC=0.82). با وجود اینکه مدل های توسعه یافته ویژگی های انتخاب شده در مطالعه اول، یعنی گلوکز و RDW (در داده های کامل و گروه اضافه وزن و چاقی) و بیلی روبین (در بیماران مبتلا به سندرم متابولیک) را در نظر گرفته اند، نتایج اعتبارسنجی داخلی نتوانستند عملکرد را در مجموعه داده های اعتبارسنجی خارجی حفظ کنند (AUC، میانگین = ۰٫۶۶). این واقعیت توان پیش بینی مدل های توسعه یافته را تحت تأثیر قرار می دهد.

\*\*\*\*\*

در شماره های بعدی به بررسی کاربردهای بیشتری از هوش مصنوعی در تشخیص های آزمایشگاهی خواهیم پرداخت.

عملکرد مدل توسعه یافته (۴۳ پیش بینی کننده) کمی پایین تر (c-statistic=0.86:0.90) از گزارش های قبلی (c-statistic=0.80:0.99) بود، اما اولین مدلی بود که در ۴ بیمارستان مختلف به طور خارجی اعتبارسنجی شد و ثبات در پیش بینی های مدل را نشان داد و ۲۴ ساعت پس از هر اندازه گیری قند خون کاری کرد.

### اختلالات روانی، رفتاری یا latnempolevedoruen (ICD-10 کلاس V)

در این گروه بیماری ها، فقط افسردگی مورد مطالعه با هوش مصنوعی قرار گرفته است. ارتباط بین افسردگی و بیومارکرهای خونی روتین همچنان در حال بررسی است، اما ارتباط مقادیر پایین کلسترول HDL با این بیماری قبلاً مشخص شده است. مطالعات افسردگی در پایگاه داده NHANES به روش های متفاوتی مورد بررسی قرار داده شد: دینپال و همکاران از داده کاوی، یادگیری ماشین و آمار سنتی برای شناسایی بیومارکرهای مرتبط استفاده کردند (۲۰۱۶)، هوچمن و همکاران هدفشان ساخت یک ابزار تشخیصی کم هزینه برای انجام تشخیص بر اساس داده های خونی بود (۲۰۲۱). مطالعه اول فرآیند انتخاب ویژگی ها را در سه مرحله ترکیبی متوالی شامل: وارد کردن چندگانه، رگرسیون یادگیری ماشین و رگرسیون آماری سنتی شرح می دهد.

از میان ۶۷ پارامتر آزمایشگاهی، این روند ۲۱ پارامتر را پس از رگرسیون یادگیری ماشین و تنها ۶ پارامتر را پس از تحلیل تک متغیره انتخاب کرد. مدل نهایی رگرسیون لجستیک چندگانه دو اثر مرتبط (هموگلوبین از بیلی روبین و کورتیزین از کادمیوم) را پیشنهاد داد، که منجر به حذف Hb و کورتیزین شد. حذف بعدی کادمیوم زمانی رخ داد که تنها RDW، گلوکز و بیلی روبین کل در مقایسه با چندین متغیر مداخله گر همچون سن ( $p < 0.05$ ) با معنی بودند.

مطالعات قبلی ارتباطات غیرمستقیمی را بین بیومارکرهای انتخاب شده و افسردگی توضیح داده بودند. مطالعه بعدی هوچمن و همکاران یک رویکرد نظارت شده برای پیش بینی افسردگی با استفاده از یک طبقه بند جنگل های تصادفی در چهار زیرگروه پیکربندی کرد (۲۰۲۱). این مطالعه روی داده های خونی انجام شد