

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



کاربرد هوش مصنوعی در تشخیص های آزمایشگاهی - بخش هفتم

رگرسیون خطی ($r=0,352$) و یک مدل مبتنی بر درخت، XGBoost ($r=0,377$) انجام شد. نویسندگان دریافتند که گلوکز به تنهایی rRRP را با همبستگی پیرسون $0,247$ در مدل خطی و $0,245$ در مدل غیرخطی پیش بینی کرد؛ همچنین پروتئین کل و شمار نوتروفیل ها مسئول واریانس افزوده بودند و این موضوع نشان دهنده توانایی روش های مبتنی بر یادگیری ماشین در شناسایی بیومارکرهاى جدید است.

مطالعه ای از ژنگ و همکاران استراتژی مشابهی را برای سگته مغزی ایسکمیک دنبال کرد (۲۰۲۲). سگته مغزی به دلیل تعداد بالای موارد تشخیص نادرست (یا دیرهنگام) چالش های بزرگی برای فرآیند طبقه بندی دارد. چهار تکنیک انتخاب ویژگی (رگرسیون لجستیک تک متغیره، رگرسیون کمترین انقباض مطلق و انتخاب، حذف ویژگی های بازگشتی و همبستگی اسپیرمن) بر روی مجموعه آموزشی اعمال شد که منجر به کاهش تعداد ویژگی ها از ۴۱ به ۱۵ شد.

مقایسه شش الگوریتم (XGBoost، RF، NN، LR)، گوسین (NB، KNN) برای ارزیابی توسعه مدل نشان داد که XGBoost با دقت $0,84$ ، $0,83$ و $0,86$ به ترتیب در مجموعه آموزشی، اعتبارسنجی داخلی و اعتبارسنجی خارجی بهترین عملکرد را داشته است. مدل همچنین با استفاده از تکنیک های توضیح دهنده (اهمیت ویژگی های جایگشتی، مدل های قابل تفسیر محلی و توضیحات افزایشی شاپلی) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت که اهمیت شمارش نوتروفیل ها، پروتئین کل، کلسترول HDL و هموگلوبین را تأیید کرد. با

بیماری های سیستم گردش خون کلاس (XI ICD-10)

این مطالعات شامل بررسی پیش آگهی انعقاد خون پس از عمل جراحی در کودکان مبتلا به بیماری های قلبی مادرزادی و تشخیص بار کاری قلب و سگته مغزی ischemic است.

بسیاری از مطالعات به ارتباطات بین آنالیز خون و بیماری های سیستم گردش خون اشاره دارد. با این حال، آزمایش های روتین خونی که با بیماری های قلبی مرتبط است شامل سطوح پایین سدیم و کلراید و سطوح بالای اریتروسیت ها، هماتوکریت، RDW، اوره و پروتئین C-reactive است. پیش آگهی انعقاد خون پس از عمل جراحی در کودکان، با مقایسه سه طبقه بندی کننده مختلف (درخت های تصمیم، نایو-بیز و ماشین های بردار پشتیبانی) ارزیابی شد، ویژگی های بازگشتی حذف شد و در نتیجه هفت ویژگی شناسایی شد که سن به عنوان مهم ترین آن ها شناخته شد. آزمون های آماری سنتی نیز، ویژگی های مرتبط را ارزیابی کرد که اهمیت آن ها را در میان گروه های مقایسه شده (انعقاد خون غیرطبیعی در مقابل طبیعی) تأیید کرد. مدل دقت 75% را در اعتبارسنجی داخلی بر اساس یک CBC معمولی به دست آورد، که مدل را قابل اعتماد می سازد. بار کاری قلب به طور کلی با استفاده از محصول فشارنرخ (RRP) اندازه گیری می شود، که حاصل ضرب فشار خون سیستولیک و ضربان قلب است.

شو و همکاران با آنالیز داده های 55730 نفر، به بررسی این موضوع پرداخت که چگونه پارامترهای خونی پیش بینی کننده پروفایل بیوشیمیایی مرتبط با RRP در حالت استراحت هستند (۲۰۲۱). تسک رگرسیون نظارت شده با مقایسه یک مدل



هدف استفاده بالینی در آینده، این مدل به صورت آنلاین برای اعتبارسنجی آینده در دسترس قرار گرفت.

بیماری‌های سیستم تنفسی کلاس (ICD-10 X)

در مورد بیماری‌های سیستم تنفسی، در اینجا یک مطالعه مرتبط با آسم را ارائه می‌دهیم. با توجه به تأثیر سیگار کشیدن بر عملکرد تنفسی، یک مطالعه با استفاده از هوش مصنوعی و اختلالات مرتبط با سیگار کشیدن نیز در این مرور گنجانده شده است. متابولیت‌های خونی روتینی که با سیگار کشیدن مرتبط است شامل سطوح بالای اریتروسیت‌ها، هماتوکریت، لکوسیت‌ها، تری‌گلیسیریدها و سطوح پایین کلسترول HDL است که هیچ‌کدام با آسم مرتبط نیست. در واقع، مطالعه ماموشینا و همکاران نشان داد که کلسترول HDL همراه با هموگلوبین، RDW و حجم سلولی میانگین، ویژگی اصلی برای طبقه‌بندی وضعیت سیگار کشیدن بود (۲۰۱۹). این یافته‌ها پس از یک تحلیل تکراری به دست آمد که با پیش‌بینی (رگرسیون) سن بیولوژیک براساس آزمایش‌های خون روتین آغاز شد. HbA1c، اوره، گلوکز و فریتین به عنوان مهم‌ترین موارد شناسایی شده‌اند (آموزش). ۲۴ ویژگی انتخاب شده برای پیش‌بینی سن در افراد سیگاری ($r^2=0,55$) و غیرسیگاری ($r^2=0,57$) استفاده شد که نشان‌دهنده تأثیر بالقوه سیگار کشیدن بر پیش‌بینی سن است. افزودن ویژگی "وضعیت سیگار کشیدن" سه مدل رگرسیونی آزمایش شده را در پیش‌بینی سن بیولوژیک از ۰,۵۶ به ۰,۵۷ (۲۳-۲۴ ویژگی)، ۰,۵۴ به ۰,۵۸ (۲۰-۲۱ ویژگی) و ۰,۵۵ به ۰,۶۰ (۱۸-۱۹ ویژگی) بهبود بخشید. نویسندگان همچنین براساس همان مدل‌ها با ۲۰، ۲۳ و ۱۸ ویژگی، توانایی پیش‌بینی

"وضعیت سیگار کشیدن" را با دقت ۰,۸۲ (معادل برای هر سه مدل) یافتند، که در آن کلسترول HDL، هموگلوبین، RDW و MCV مهم‌ترین ویژگی‌ها برای پیش‌بینی بودند. زهان و همکاران از سیستم ماهالانویس-تاگوچی (MTS) برای طبقه‌بندی بیماران آسمی استفاده کردند (۲۰۲۰). این الگوریتم با ساخت فضای ماهالانویس (جمع‌آوری و محاسبه فاصله داده‌های استاندارد شده طبیعی و غیرطبیعی)، همراه با شناسایی متغیرهای مفید (آرایه‌های متعامد و نسبت سیگنال به نویز برای تعریف آستانه و تحلیل منحنی ROC) انجام شد. الگوریتم پیشنهادی با یک مدل SVM مقایسه شد، که همان ویژگی‌ها (انتخاب شده توسط همبستگی پیرسون) بیماران آسمی را با دقت مشابهی پیش‌بینی کردند. نویسندگان مدعی هستند که این مدل تفسیرپذیری ساده‌تری دارد که با محاسبه فاصله ماهالانویس (MD) از روی داده‌های WBC، MPV، PDW، شمارش ائوزینوفیل‌ها، شمارش لنفوسیت‌ها و MCHC به دست می‌آید.

بیماری‌های دستگاه گوارش کلاس (ICD-10 XI)

برای این گروه از بیماری‌ها، ما بر روی مطالعاتی تمرکز کردیم که از روش‌های طبقه‌بندی نظارت شده برای تشخیص بیماری‌های کبدی استفاده می‌کنند. به طور کلی، پاتولوژی‌های مرتبط با کبد به چهار مرحله تقسیم می‌شود: مرحله التهاب (که ناشی از ویروس هپاتیت B، ویروس هپاتیت C، بیماری کبد الکلی و بیماری کبد چرب غیرالکلی است)، مرحله فیبروز، مرحله سیروز و بدترین مرحله که به

سرطان کبد یا نارسایی کبد مربوط می‌شود (۲۰۲۲). در مورد التهاب، Fialoke و همکاران تمایز بین استئاتوهپاتیت غیرالکلی (NASH) و استئاتوز ساده در NAFL را مطالعه کردند (۲۰۱۸). از آنجایی که NASH به دلیل نبود علائم بیمار و بیومارکرهای مرتبط (مقادیر بالای AST و ALT) تحت تشخیص قرار می‌گیرد، نویسندگان ۴ الگوریتم یادگیری ماشین را با داده‌های موجود آموزش دادند: دموگرافیک، مقادیر حداکثر، حداقل و میانگین متقابل ۵ تایی نشان داد که AUC مدل بالاتر از ۰/۸۳ است و XGBoost بهترین طبقه‌بند با AUC برابر با ۰/۸۷۶ بود که پتانسیل انجام تشخیص خارجی را با نتایج امیدوارکننده دارد. ما و همکاران نیز به مرحله التهاب با تشخیص NAFLD در یک مطالعه مقطعی بر روی ۱۰،۰۳۰ نفر با شیوع ۲۴٪ پرداختند (۲۰۱۸). در این مطالعه از چهار تکنیک برای انتخاب ویژگی‌ها استفاده شد و ۱۱ الگوریتم یادگیری ماشین آموزش داده شدند. پنج بیومارکر انتخاب شده عملکردهای متفاوتی را در میان الگوریتم‌های سنتی آزمایش شده (KNN، SVM، LR، NB، BN، DT)، الگوریتم‌های تجمیعی (AdaBoost، bagging، RF) و الگوریتم‌های توسعه‌یافته (ناحیه پنهان بیز، تجمیع وابستگی یک‌طرفه) نشان دادند. از آنجایی که F-measure (میانگین هارمونیک بین دقت و یادآوری) به عنوان مهم‌ترین معیار در نظر گرفته شد، شبکه بیزی بهترین مدل را با F-measure برابر با ۰/۶۵۵ به دست آورد. مقایسه با امتیازهای تشخیصی فعلی مانند FLI [که با تری‌گلیسیریدها، BMI، GGT، دور کمر محاسبه می‌شود (F-measure=۰/۳۱۸)] و HIS [که با مقادیر BMI، ALT، AST، شرایط دیابتی و جنسیت برآورد می‌شود (F-measure=۰/۵۲۴)] نشان داد که شبکه بیزی توسعه‌یافته توانایی تشخیص بالاتری را دارد.

Cao و همکاران با مطالعه بر روی هفت آزمایش خون روتین، سیروز کبدی ناشی از HBV (مراحل التهاب و سیروز) را ارزیابی کردند و از یک پرسپترون چندلایه و الگوریتم بیز ساده استفاده کردند (۲۰۱۳). هر دو طبقه‌بندی کننده در اعتبارسنجی داخلی AUC بالاتری را نشان داد (MLP=۰/۹۴۲، NB، AUC=۰/۸۹۹) نسبت به مرحله آموزش، که عملکرد بهتری برای MLP داشت (MLP=۰/۹۰۰، NB=۰/۸۳۱، AUC). این مطالعه همچنین معیارهای یادگیری ماشین را با امتیازهای فعلی (APRI (AUC=۰/۷۲۶)، که با شاخص PLT به AST سنجیده می‌شود و (FIB-۴ (AUC=۰/۸۱۷)، که با سن، PLT، AST و سطوح ALT محاسبه می‌شود، مقایسه کرد. طبقه‌بند MLP عملکرد برتری نشان داد و این امکان را فراهم کرد که برای

تشخیص تعداد کمتری بیوپسی انجام شود. پنگ و همکاران به مطالعه مرحله بحرانی بیماری کبد، یعنی نارسایی کبد، پرداختند تا مدل پیش‌بینی برای پیش‌بینی وخامت وضعیت بیماران پس از بستری شدن ایجاد کنند. این نوع پیش‌بینی به طور روتین از طریق مدل بیماری کبد در مرحله پایانی (MELD) ارزیابی می‌شود که با استفاده از مقادیر کراتینین، بیلروبین کل، نسبت پروترومبین استاندارد شده (INR) و علت بیماری محاسبه می‌شود. علی‌رغم این، نویسندگان از یک پایگاه داده متشکل از ۱۵ متابولیت بالینی که توسط متخصصان کبد برای مدل‌سازی تعیین شده بود، استفاده کردند. تنها متغیرهایی با مقادیر بالای از دست رفته کنار گذاشته شدند.

به جز مدل GLM، همه مدل‌های دیگر (AUC=۰/۷۹۴)، عملکرد طبقه‌بندی (MELD (AUC=۰/۶۹۹ را برتری می‌بخشند. البته محدودیت اندازه نمونه (n=۳۴۸) نیازمند انجام اعتبارسنجی در تعداد بیشتری از افراد است. یائو و همکاران با استفاده از یادگیری عمیق بر روی بزرگ‌ترین مجموعه داده (n=۷۶،۹۱۴)، که شامل ۱۲،۶۸۸ بیمار با مراحل مختلف بیماری کبد بود، به تشخیص وجود هر نوع بیماری کبد پرداختند (۲۰۲۰). شبکه عصبی عمیق متراکم (DNN) با رگرسیون لجستیک استاندارد و جنگل‌های تصادفی مقایسه شد. شبکه بر اساس عرض شبکه (تعداد نوروها در هر لایه پنهان) و نرخ افت (dropout rate) مورد بررسی قرار گرفت. عرض‌های ۵۱۲ (AUC=۰/۸۹۱۹)، ۱،۰۲۴ (AUC=۰/۸۹۲۲) به همراه نرخ‌های افت ۰/۳ (AUC=۰/۸۸۱۲)، ۰/۴ (AUC=۰/۸۸۹۱)، ۰/۵ (AUC=۰/۸۹۱۹)، ۰/۶ (AUC=۰/۸۹۰۴) و ۰/۷ (AUC=۰/۸۸۵۶) مقایسه شدند.

اهمیت ویژگی‌ها با استفاده از جنگل‌های تصادفی (به عنوان مرجع) ارزیابی شد، زیرا DNN و DenseDNN الگوریتم‌های جعبه سیاه است و قابلیت توضیح‌پذیری ضعیفی دارد. به جز رگرسیون لجستیک که AUC آن برابر با ۰/۷۹ بود، نتایج کلی اعتبارسنجی داخلی بسیار خوبی را به دست آوردند (AUC=۰/۸۷). در واقع، بهبود قابل توجهی بین جنگل تصادفی قابل توضیح و روش‌های یادگیری عمیق برای تشخیص بیماری کبد دیده نشد. مرحله فیبروز و سرطان کبد هنوز مورد بررسی قرار نگرفته‌اند.

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