

تشخیص بیماری سل ریوی با استفاده از هوش مصنوعی (الگوریتم بیز ساده)

نسترن عباسی حسن آبادی^۱، فرزاد فیروزی جهانتیغ^۲، پیام طبرسی^۳

چکیده

زمینه و هدف: موفقیت مورد انتظار در کاهش و کنترل بیماری سل به‌رغم اجرای برنامه‌های پیشگیرانه و درمانی مؤثر فراهم نشده که یکی از دلایل آن، تاخیر در تشخیص قطعی می‌باشد. بنابراین ایجاد یک سیستم کمک تشخیص برای غربالگری بیماری سل می‌تواند به تشخیص زودهنگام این بیماری کمک کند. هدف از این تحقیق، ارزیابی الگوریتم بیز ساده به‌عنوان ابزاری برای تشخیص سل ریوی است.

روش بررسی: در این مطالعه کاربردی، جامعه پژوهش بیماران دارای علائم سل و نمونه پژوهش، داده‌های ثبت شده ۵۸۲ فرد با علائم اولیه سل در بیمارستان مسیح دانشوری تهران است. اطلاعات نمونه‌ها با تشخیص تاییدشده در دو کلاس مبتلا به سل ریوی و نرمال بررسی گردید. از الگوریتم بیز ساده (Naive Bayes) برای غربالگری بیماری سل ریوی با استفاده از علائم عمومی و اولیه بیماران از زبان برنامه‌نویسی پایتون (Python) استفاده شده است.

یافته‌ها: دقت (Accuracy)، حساسیت (sensitivity) و ویژگی (specificity) حاصل از پیاده‌سازی الگوریتم بیز ساده جهت تشخیص بیماری سل ریوی به ترتیب ۰/۹۵/۸۹، ۰/۹۳/۵۹ و ۰/۹۸/۵۳ به دست آمد و سطح زیر منحنی مشخصه عملکرد (AUC) برابر با ۰/۹۸/۹۱ محاسبه شد.

نتیجه‌گیری: عملکرد مدل بیز ساده برای تشخیص بیماری سل ریوی دقت قابل قبولی دارد. این سیستم می‌تواند برای کمک به بیمار و مدیریت بیماری در نقاط دور افتاده با دسترسی محدود به منابع آزمایشگاهی و کمبود متخصص، استفاده و موجب تسریع در تشخیص شود. همچنین می‌تواند موجب اقداماتی به‌موقع و مناسب جهت کنترل سرایت سل ریوی به سایر افراد و تسریع بهبود این بیماری باشد.

واژه‌های کلیدی: سل ریوی، الگوریتم بیز ساده، تشخیص، هوش مصنوعی

دریافت مقاله: اردیبهشت ۱۳۹۸
پذیرش مقاله: شهریور ۱۳۹۸

* نویسنده مسئول:

فرزاد فیروزی جهانتیغ؛

دانشکده مهندسی شهید نیکبخت دانشگاه
سیستان و بلوچستان

Email :
Firouzi@eng.usb.ac.ir

۱ کارشناس ارشد مهندسی صنایع، دانشکده مهندسی شهید نیکبخت، دانشگاه سیستان و بلوچستان، زاهدان، ایران

۲ دانشیار گروه مهندسی صنایع، دانشکده مهندسی شهید نیکبخت، دانشگاه سیستان و بلوچستان، زاهدان، ایران

۳ استاد گروه عفونی، مرکز تحقیقات سل بالینی و اپیدمیولوژی، بیمارستان مسیح دانشوری، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

مقدمه

بیماری سل که یک بیماری باکتریال است به وسیله‌ی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس ایجاد می‌شود (۱). شایع‌ترین علامت ابتلا به بیماری سل ریوی سرفه پایدار (به مدت دو هفته یا بیشتر) همراه با خلط و یا سایر علائم تنفسی (مانند تنگی نفس، درد قفسه سینه یا پشت و خلط خونی) می‌باشد. گاهی اوقات تشخیص سل در سطح اولیه توسط پزشکان بسیار دشوار است؛ زیرا نشانه‌های مراحل اولیه بیماری سل شبیه به برخی از بیماری‌های دیگر است (۲). اساس تشخیص بیماری سل ریوی، وجود باسیل سل در خلط بیمار مشکوک به سل می‌باشد اما روش‌های دیگری چون رادیوگرافی و آزمایش پوستی توبرکولین نیز استفاده می‌شود. از آنجایی که بیماری‌های ریوی دیگر هم در رادیوگرافی تصاویر مشابه بیماری سل نشان می‌دهند، آزمایش رادیوگرافی در تشخیص سل ریوی نقش بارزی را ایفا نمی‌کند (۳). بیماری سل بزرگترین علت مرگ ناشی از بیماری‌های عفونی تک عاملی (ایدز، مالاریا و سرخک) است و یکی از ده عامل اصلی مرگ در سراسر جهان می‌باشد (۱). هرچند عامل بیماری سل شناخته شده است و درمان قطعی برای آن وجود دارد (۴) و با وجود افزایش اطلاع‌رسانی و هشدار در رابطه با این بیماری، طبق گزارش سازمان بهداشت جهانی در سال ۲۰۱۸، هنوز هم بین تعداد موارد جدید گزارش شده (۷ میلیون) و موارد تخمین زده شده (۱۰ میلیون) فاصله زیادی وجود دارد که این شکاف به دلایل عدم گزارش موارد تشخیص داده شده و عدم تشخیص بیماری می‌باشد؛ یعنی بخشی از بیماران مبتلا به سل به مراقبت‌های بهداشتی دسترسی ندارند یا بیماری آن‌ها تشخیص داده نمی‌شود (۱). در کاهش روند انتقال بیماری و به حداقل رساندن میزان نرخ تکثیر آن، کاهش تأخیر در تشخیص سل بسیار مهم است (۵). گزارش اداره کنترل سل و جذام ایران، در سال ۱۳۸۲ حاکی از آن است که میانه تأخیر کلی تشخیص و درمان بیماران مبتلا به سل ریوی خلط مثبت در ایران ۹۲ روز (با میانگین 10 ± 120 روز) بوده و میانه تأخیر بیمار و پزشک در تشخیص به ترتیب ۲۰ (با میانگین 6 ± 44 روز) و ۴۶ روز (با میانگین 8 ± 76 روز) بوده است (۶). Bello و همکاران در سال ۲۰۱۹ به بررسی سیستماتیک شواهد تجربی تأخیر در تشخیص و درمان بیماری سل ریوی پرداختند. این بررسی مروری شامل ۱۹۸ مطالعه (۸۳۱۷۲۴ بیمار) از ۷۸ کشور جهان بود. به‌طور کلی، میانگین تأخیر ۸۷/۶ روز بود. بیشترین عامل تأخیر ابتدا مربوط به بیمار با میانگین ۸۱ روز

تأخیر و به دنبال آن تأخیر پزشک و تأخیر در درمان به ترتیب با میانگین تأخیر ۲۹/۵ و ۷/۹ روز گزارش شد. عدم استفاده از اشعه X قفسه سینه و بررسی مطالعاتی که در کشورهای با درآمد بالا صورت گرفته، موجب شده است که تأخیر در تشخیص و درمان تا ۲۰ روز کاهش یابد (۷). بنابراین سهم پزشکان در تأخیر تشخیص قابل توجه بوده و لذا برای کنترل سل باید مداخله‌ها و برنامه‌های کنترل بر کاهش تأخیر پزشک در تشخیص متمرکز گردد.

پیش‌گیری قبل از انجام آزمایش‌های نهایی برای تشخیص، یک پیشرفت نویدبخش در تشخیص سل است که می‌تواند به یک ابزار تشخیصی بالقوه‌ی بسیار با ارزش در کشورهای دارای محدودیت منابع و مستعد بیماری تبدیل شود. زیرا در این مناطق، افزایش تعداد نمونه‌ها ممکن است منجر به تأخیر در تشخیص و درمان شود (۸).

تکنیک‌های هوش مصنوعی این قابلیت را دارند که کمک قابل توجهی به بهبود کیفیت فرایند تشخیص و تصمیم‌گیری‌های بالینی کنند. در حالی که تشخیص سل به‌طور سنتی توسط یک پزشک مجزا تأیید می‌شود، روش‌های پشتیبانی از تصمیم را می‌توان یک سیستم تأیید دو طرفه در نظر گرفت. بنابراین، این ساختار می‌تواند به‌عنوان سیستم پشتیبانی تصمیم برای کمک به پزشکان جهت تشخیص در مرحله‌ای که تنها از علائم اولیه بیمار اطلاع داریم و نتایج نهایی آزمایش‌ها در دسترس نیست، مفید باشد (۹). در سال‌های اخیر استفاده از روش‌های هوش مصنوعی و یادگیری ماشین به‌منظور تشخیص بیماری‌ها، مورد توجه بسیاری از محققان قرار گرفته است. تحقیقات متعددی در طول زمان به‌منظور تشخیص بیماری‌ها از جمله بیماری سل انجام شده است.

در یک مطالعه برای تشخیص بیماری سل شبکه‌های عصبی چند لایه به‌کار گرفته شد. برای این منظور دو ساختار متفاوت شبکه‌های عصبی چند لایه با یک لایه پنهان و دو لایه پنهان استفاده شد. در این پژوهش همچنین از یک شبکه عصبی رگرسیون عمومی برای مقایسه استفاده کردند. ساختار شبکه عصبی چند لایه با دو لایه پنهان، نتایج با بهترین دقت طبقه‌بندی، برای تشخیص بیماری سل را فراهم آورد (۱۰). Shukla و Agarwal در سال ۲۰۱۴، روشی جدید برای انتخاب مرکزیت در الگوریتم k-mean ارائه دادند. الگوریتم پیشنهادی برای طبقه‌بندی مجموعه داده‌های بیماران مبتلا به سل در سه سطح ریسک پایین، متوسط و بالا نسبت به

رادیوگرافی قفسه سینه با به‌کارگیری الگوریتم یادگیری عمیق به تشخیص سل پرداخت؛ همچنین اضافه کردن عوامل جمعیت‌شناسی به مجموعه داده‌ها روند تشخیص را بهبود می‌دهد (۱۷).

با اینکه الگوریتم‌های مختلفی از هوش مصنوعی و همچنین پارامترهای متنوعی برای تشخیص سل مورد استفاده قرار گرفته است اما محققان بسیار کمی برای فرایند طبقه‌بندی از الگوریتم بیز ساده و همچنین برای تشخیص از نتایج بررسی اولیه استفاده کرده‌اند. همان‌طور که اشاره شد، مسأله کلیدی در بیماری سل تشخیص به‌موقع و سریع آن است؛ بنابراین در تشخیص هوشمند استفاده از نتایج بررسی اولیه مناسب‌تر است. از آنجایی که در این نوع مطالعات، جامعه‌ی مورد مطالعه نیز اهمیت دارد می‌توان اشاره کرد که تاکنون چنین پژوهشی در ایران صورت نگرفته است. در این مطالعه، جهت تشخیص هوشمند سل یکی از الگوریتم‌های یادگیری ماشین به نام الگوریتم بیز ساده مورد استفاده قرار گرفته و به منظور آموزش الگوریتم بیز ساده از اطلاعات بررسی اولیه بیماران استفاده می‌شود.

روش بررسی

• پایگاه داده

به‌منظور انجام این مطالعه، مجموعه داده‌های بیماران با استفاده از پایگاه داده بیمارستان مسیح دانشوری به‌صورت گذشته‌نگر از فرودین تا پایان اسفند ۱۳۹۵ از مرکز تحقیقات سل بالینی و اپیدمیولوژی جمع‌آوری گردید. مجموعه داده‌ها شامل گزارش‌های بررسی اولیه می‌باشد و فقط اطلاعات مربوط به افراد با تشخیص تایید شده مورد توجه قرار گرفتند که شامل ۵۸۲ نمونه در دو کلاس افراد مبتلا به سل ریوی (کلاس ۱: ۳۱۱ نمونه) و نرمال (کلاس ۲: ۲۷۱ نمونه) بودند.

الگوریتم k-mean پیشین ارزیابی شد. نتایج نشان داد که بهبود عملکرد در مقایسه با رویکرد قبلی افزایش چشمگیری دارد (۱۱). در پژوهشی، الگوریتم جنگل تصادفی جهت تشخیص بیماری سل با استفاده از تصاویر آزمایش اسمیر خلط استفاده شد. نتایج پژوهش نشان داد که الگوریتم به خوبی در شناسایی مایکوباکتریوم توبرکلوزیس و تقسیم‌بندی تصاویر آزمایش اسمیر خلط عمل می‌کند (۱۲). شناسایی خودکار مایکوباکتریوم توبرکلوزیس با استفاده از تصاویر آزمایش اسمیر خلط با الگوریتم‌های شبکه عصبی و ماشین بردار پشتیبان نیز گزارش شده است. در این پژوهش پایگاه داده از برش‌های تصاویر اسمیر خلط ۱۲ بیمار استفاده و بهترین نتایج در شناسایی باسیل به‌وسیله الگوریتم ماشین بردار پشتیبان با سه فیلتر گزارش شد که دارای حساسیت ۹۶/۸۰٪ و میزان خطای ۳/۳۸٪ بود (۱۳). Hwang و همکاران در تحقیق خود در سال ۲۰۱۶ بر سیستم تشخیصی کامپیوتری (CAD) مبتنی بر شبکه عصبی مصنوعی عمیق برای تشخیص خودکار سل با استفاده از تصاویر رادیوگرافی قفسه سینه متمرکز شده‌اند. عملکرد تشخیص سل ۰/۹۶، ۰/۹۳ و ۰/۸۸ برای سه مجموعه داده گزارش شد (۱۴). Cao و همکاران در سال ۲۰۱۶، به بررسی تشخیص بیماری سل با استفاده از آموزش عمیق و فناوری‌های بهداشتی موبایل پرداختند. برای این منظور از ۴۷۰۱ تصویر رادیوگرافی قفسه سینه استفاده کردند. در طبقه‌بندی باینری (طبیعی، آلوده به سل) ۸۹/۶٪ دقت و ۶۲/۰۷٪ دقت برای طبقه‌بندی چند منظوره سل به‌دست آمد (۱۵). Panicker و همکاران در سال ۲۰۱۸، به کمک الگوریتم شبکه عصبی کانولوشن با استفاده از ۲۲ تصویر آزمایش اسمیر خلط، به تشخیص بیماری سل پرداختند. روش پیشنهادی در این تحقیق ارزیابی گردید و میزان حساسیت ۹۷/۱۳٪ و ۷۸/۴٪ دقت را به‌دست آورد (۱۶). در مطالعه‌ای دیگر از الگوریتم‌های یادگیری عمیق برای تشخیص بیماری سل با استفاده از رادیوگرافی قفسه سینه در داده‌های معاینه سالیانه کارکنان و اطلاعات جمعیت‌شناسی استفاده شده است. نتایج این مطالعه نشان داد که می‌توان با استفاده از تصاویر

جدول ۱: متغیرهای مورد استفاده

متغیر	متغیر	متغیر	متغیر
بله / خیر	خلط خونی	بله / خیر	کاهش وزن
بله / خیر	درد قفسه سینه یا پشت	بله / خیر	تب
بله / خیر	تنگی نفس	بله / خیر	مصرف الکل
بله / خیر	بی‌اشتهایی	بله / خیر	سابقه تماس با فرد مسلول
بله / خیر	تعریق شبانه	بله / خیر	سابقه‌ی زندان

سرفه	بله / خیر	علایم بیش از دو هفته	بله / خیر
خلط	بله / خیر		

به ترتیب برابر با یک و صفر به عنوان برچسب کلاس، صورت پذیرفت. جهت تشخیص سل ریوی از الگوریتم بیز ساده استفاده شد. برای پیاده سازی الگوریتم و تحلیل مدل پیشنهادی از نرم افزار پایتون نسخه ۳/۷ استفاده شده است. برای برآورد خطای آماری، با استفاده از داده های توضیح داده شده، روش اعتبارسنجی متداول Holdout مورد استفاده قرار گرفت. مهم ترین مزیت این روش سادگی و سرعت بالای عملیات ارزیابی می باشد. در این تکنیک، مجموعه داده ها به دو مجموعه آموزش و تست تقسیم می شوند (۱۸).

نمونه ها دارای سیزده ویژگی هستند (نتایج بررسی اولیه) شامل: مصرف الکل، سابقه تماس با فرد مسلول، زندان، سرفه، خلط، خلط خونی، درد قفسه سینه، تنگی نفس، بی اشتها، تعریق شبانه، تب، طول علایم بیش از دو هفته و کاهش وزن. این سیزده ویژگی به عنوان ورودی مورد استفاده قرار گرفت. همه ویژگی ها دارای مقادیر صفر و یک (توزیع برنولی) بودند و در نهایت داده ها را می توان یک ماتریس ۵۸۲×۱۳ در نظر گرفت. از این تعداد $۵۳/۴۴\%$ بیماران مبتلا به سل ریوی و $۴۶/۵۶\%$ نرمال بوده اند. دسته بندی داده ها با در نظر گرفتن بردار خروجی Y با دو مقدار مبتلا به سل ریوی و نرمال

جدول ۲: تعداد اعضای مجموعه و درصد فراوانی هر کلاس

تعداد نمونه	مبتلا به سل ریوی	نرمال	
۴۳۶	$۵۳/۴۴\%$	$۴۶/۵۶\%$	آموزش
۱۴۶	$۵۳/۴۲\%$	$۴۶/۵۸\%$	تست

X برای هر دسته به طور مستقیم از داده های آموزش محاسبه شود. پس از محاسبه، از مدل احتمالی می توان برای پیش بینی داده های جدید با استفاده از قضیه بیز استفاده کرد. اساس الگوریتم بیز ساده این است که طبقه بندی داده ها به گونه ای باشد که $p(c_j|x_i) p(c_j)$ با استفاده از قضیه بیز ماکزیمم شود؛ به طوری که X یک نمونه از مجموعه داده و Z یک دسته از مجموعه دسته ها است.

برای یادگیری مدل پیشنهادی از مجموعه داده های آموزش استفاده شد و برای ارزیابی مدل آموزش دیده از اطلاعاتی که در آموزش مدل به کار برده نشده است یعنی از مجموعه داده های تست بهره گرفته می شود. $۷۵/۷۰\%$ داده ها برای آموزش و $۲۵/۲۵\%$ داده ها برای تست تفکیک می شوند. به منظور فراوانی یکسان هر دو کلاس در مجموعه های آموزش و تست در نرم افزار پایتون، ملاک تفکیک بر اساس برابری فراوانی برچسب های متغیر Y در نظر گرفته شد.

• الگوریتم بیز ساده

الگوریتم بیز ساده یکی از روش های یادگیری نظارت شده و داده کاوی در هوش مصنوعی است. این الگوریتم یک طبقه بندی احتمالاتی و آماری است که در سال ۱۹۵۰ معرفی شده است و بر اساس قضیه بیز می باشد. الگوریتم بیز ساده، naïve نامیده می شود زیرا فرض می کند که متغیرهای ورودی مستقل هستند. این فرض قدرتمند است اما برای داده های واقعی همیشه برقرار نیست؛ با این حال، این تکنیک در اکثر مسایل پیچیده بسیار موثر است. این مدل دارای دو نوع احتمال، شامل احتمال هر دسته و احتمال شرطی است که می تواند با توجه به هر مقدار

برای تعیین دسته نمونه X_i ، فرض می شود M دسته از C_1 تا C_m وجود دارد، طبقه بندی کننده پیش بینی خواهد کرد که X_i متعلق به دسته ای است که بیشترین احتمال شرطی پیشین را دارد. طبق رابطه (۱) به ازای $1 < m < k$ و اگر $k \neq j$ اگر $p(c_j|x_i) > p(c_k|x_i)$ باشد نمونه X_i به دسته c_j تعلق دارد به عبارتی $p(c_j|x_i)$ ماکزیمم می شود.

$$p(c_j|x_i) = \frac{p(x_i|c_j)p(c_j)}{p(x_i)} \quad \text{رابطه (۱)}$$

از آنجایی که $p(x_i)$ برای همه دسته ها ثابت است فقط $p(x_i|c_j)p(c_j)$ ماکزیمم می شود. اگر احتمال پیشین دسته ها شناخته شده نباشند آنگاه فرض می شود که این دسته ها احتمال برابر دارند سپس $p(x_i|c_j)$ ماکزیمم می شود. در غیر این صورت باید

$p(x_i | c_j)p(c_j)$ به ازای یکی از دسته‌ها به حداکثر برسد (۱۹).

$$\hat{c}_j = \arg \max_{c_j} p(x_i | c_j)p(c_j) \quad (۲)$$

• ماتریس آشفتگی (سردرگمی)

ماتریس آشفتگی، یک ماتریس مربعی n در n است (n برابر با

تعداد کلاس‌ها) و یکی از معیارهای ارزیابی الگوریتم طبقه‌بندی می‌باشد. برچسب کلاس در یک مجموعه آموزش دوتایی می‌تواند دو مقدار داشته باشد که به‌عنوان کلاس مثبت و کلاس منفی نامیده می‌شود.

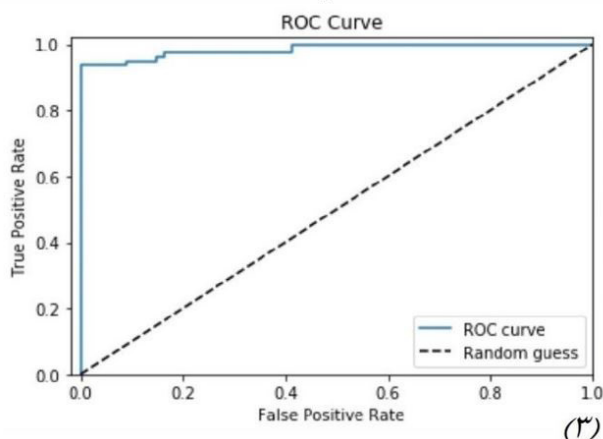
		کلاس پیش بینی شده	
		نرمال	مبتلا به سل ریوی
کلاس واقعی	نرمال	منفی واقعی (TN)	مثبت کاذب (FP)
	مبتلا به سل ریوی	منفی کاذب (FN)	مثبت واقعی (TP)

شکل ۱: ماتریس آشفتگی

یافته‌ها

در این مطالعه ۵۸۲ نمونه با میانگین سنی $۵۴/۸۹ \pm ۲۰/۲۶$ سال و میانگین وزنی $۵۴/۹۶ \pm ۱۱/۴۷$ کیلوگرم بررسی شدند. برای آموزش الگوریتم از ۴۳۶ نمونه (۷۵٪ داده‌ها) استفاده شده است و سایر داده‌ها به‌عنوان داده‌های تست برای ارزیابی مدل به کار گرفته شده‌اند.

همان‌طور که در شکل ۱ دیده می‌شود، تعداد نمونه‌های مثبت و منفی که یک طبقه‌بندی کننده به‌طور صحیح پیش‌بینی می‌کند، به‌ترتیب مثبت‌های واقعی و منفی‌های واقعی نامیده می‌شود. نمونه‌های اشتباه طبقه‌بندی شده به‌عنوان مثبت کاذب و منفی کاذب شناخته می‌شود (۲۰).



شکل ۳: منحنی مشخصه عملکرد سیستم

با برچسب نرمال ۶۷ نمونه به‌صورت صحیح طبقه‌بندی شده‌اند و یک نمونه مثبت کاذب گزارش شد؛ یعنی به اشتباه در طبقه‌ی بیماران مبتلا به سل ریوی تشخیص داده شده است.

		کلاس پیش بینی شده	
		نرمال	مبتلا به سل ریوی
کلاس واقعی	نرمال	۶۷	۱
	مبتلا به سل ریوی	۵	۷۳

(۲)

شکل ۲: ماتریس آشفتگی حاصل از اجرای الگوریتم بیز ساده

همان‌طور که در شکل ۲ مشاهده می‌شود از ۷۸ نمونه با برچسب بیمار مبتلا به سل ریوی ۷۳ نمونه به‌صورت صحیح مبتلا به سل ریوی تشخیص داده شده‌اند و ۵ نمونه منفی کاذب گزارش شده است یعنی ۵ بیمار به اشتباه در کلاس نرمال طبقه‌بندی شده است. همچنین از ۶۸ نمونه

جدول ۳: نتایج به دست آمده از پیاده‌سازی الگوریتم بیز ساده

AUC	ویژگی	حساسیت	دقت
%۹۸/۹۱	%۹۸/۵۳	%۹۳/۵۹	%۹۵/۸۹

همان‌طور که در جدول ۳ نشان داده شده دقت حاصل از پیاده‌سازی این الگوریتم برای تشخیص بیماری سل ریوی ۹۵/۸۹٪، حساسیت مدل ۹۳/۵۹٪ و ویژگی ۹۸/۵۳٪ به دست آمد. همچنین، سطح زیر منحنی مشخصه عملکرد سیستم که در شکل ۳ نمایش داده شده ۹۸/۹۱٪ محاسبه شد.

بحث

بیماری سل در کشور ما شیوع نسبتاً زیادی به‌ویژه در استان‌های سیستان و بلوچستان و گلستان دارد و اگرچه یک بیماری با عامل شناخته شده و اپیدمیولوژی مشخص است ولی بخشی از بیماران مبتلا به سل هنوز در بسیاری از نقاط جهان و از جمله کشور ما تشخیص داده نشده و یا مناسب، درمان نمی‌شوند. همان‌طور که اشاره شد بیماران مبتلا به سل اگر در معاینه زودهنگام تشخیص داده و درمان شوند می‌توانند با میزان بیش از ۹۰٪ بهبود پیداکنند (۴). الگوریتم بیز ساده با دقت ۹۵/۸۹٪ به تشخیص بیماری سل ریوی پرداخت و این بدان معناست که از هر ۱۰۰ نمونه (فرد) طبقه‌بندی شده ۹۶ نمونه به‌صورت صحیح به کلاس‌های مبتلا به سل ریوی و نرمال اختصاص یافته‌اند. هنگامی که فراوانی کلاس‌ها در مجموعه‌ی داده یکسان نباشد ارزیابی مدل پیشنهادی تنها با معیار دقت مناسب نیست (۲۰)؛ بنابراین علاوه بر دقت، چندین معیار عملکرد دیگر وجود دارد که می‌تواند از ماتریس سردرگمی محاسبه شوند و درک و تصویر بهتری از عملکرد الگوریتم ارائه دهد. همان‌طور که در ماتریس سردرگمی مشاهده شد از تمام ۱۴۶ نمونه برای ارزیابی، طبقه‌بندی کننده به طور صحیح ۱۴۰ مورد از آنها را پیش‌بینی کرده است.

حساسیت الگوریتم که جهت به حداقل رساندن تعداد نمونه‌های مبتلا به سل ریوی که در کلاس نرمال طبقه‌بندی شدند، استفاده می‌شود، مقدار ۹۳/۵۹٪ به دست آمد. مقدار ویژگی ۹۸/۵۳٪ به دست آمد یعنی از هر ۱۰۰ نمونه متعلق به کلاس نرمال، الگوریتم بیز ساده ۲ نمونه را نادرست طبقه‌بندی می‌کند. همان‌طور که مشاهده شد حساسیت الگوریتم بیز ساده برای تشخیص بیماری سل ریوی با مجموعه داده‌های این پژوهش به نسبت معیار ویژگی آن کمتر است اما هر دو معیار دارای مقدار قابل قبولی (بالای ۹۰٪) با خطای کمی

هستند. می‌توان گفت که در استفاده از هوش مصنوعی و الگوریتم‌های یادگیری ماشین در فرایندهای تشخیص پزشکی به دلیل حساسیت نمونه مورد بررسی (انسان) کمینه کردن هر دو مقدار منفی‌های کاذب و مثبت‌های کاذب مورد توجه است.

مقدار ناحیه زیر منحنی عملکرد سیستم (AUC) به دست آمده، نزدیک به یک و برابر با ۹۸/۹۱٪ می‌باشد، این پارامتر معیار خوبی برای بررسی عملکرد الگوریتم طبقه‌بندی است. مقدار AUC اگر تقریباً ۰/۵ باشد، طبقه‌بندی بهتر از حدس زدن تصادفی نیست و هر چقدر به مقدار یک نزدیک‌تر باشد عملکرد بهتری خواهد داشت (۲۱). بنابراین، در شکل ۳ اگر منحنی عملکرد سیستم منطبق بر خط مورب باشد بدان معناست که نسبت نمونه‌های مسلولی که به‌عنوان مبتلا به سل ریوی طبقه‌بندی شده‌اند تقریباً با نمونه‌های نرمالی که به‌عنوان مبتلا به سل ریوی پیش‌بینی شده‌اند برابرند؛ طبقه‌بندی با این سطح عملکرد تقریباً حدس زدن تصادفی و بسیار ضعیف است. بنابراین الگوریتم طبقه‌بندی این پژوهش در کمینه کردن منفی‌های کاذب بسیار خوب است. با توجه به نتایج به دست آمده می‌توان گفت که تکنیک‌های هوش مصنوعی می‌توانند به پشتیبانی از فرایندهای تشخیص پزشکی بپردازند و به افزایش دقت تشخیص کمک کنند. عوامل انسانی هم چون خستگی، عدم دانش کافی و... در تشخیص بیماری دخیل می‌باشد و باعث بالارفتن خطای تشخیص می‌شود. صحت تشخیص سل همیشه بستگی به سطح تخصص و دانش تکنسین دارد. تشخیص دستی و شمارش باسیل‌ها با استفاده از میکروسکوپ، کاری خسته‌کننده است، که به تکنسین‌های آزمایشگاهی بسیار ماهر احتیاج دارد و فشار زیادی بر چشم وارد می‌کند. معاینه دستی در مناطق با شیوع بالای سل، وقت‌گیر و خسته‌کننده است (۲۲). تشخیص بیماری سل با کمک رادیوگرافی قفسه سینه نیز به رادیولوژیست‌های خیره نیاز دارد که محدودیتی عمده می‌باشد، که در بسیاری از کشورهای دارای شیوع بالا این متخصصان به اندازه کافی در دسترس نیستند (۲۳). تکنیک‌های هوش مصنوعی می‌تواند در طراحی مدل‌های مناسب جهت شناسایی افراد مبتلا و پیش‌بینی ابتلا به بیماری‌ها استفاده شوند. پژوهش‌های انجام شده در زمینه‌ی تشخیص

یافته‌های بالینی، آزمایش‌های پزشکی و یافته‌های رادیولوژیک استفاده شد. صحت به‌دست آمده برای الگوریتم سیستم استنتاج فازی مبتنی بر شبکه ۹۷٪ و مجموعه‌ی راف ۹۲٪ گزارش شد (۲۷). مطالعه‌ی حاضر دارای محدودیت‌هایی در رابطه با تعداد نمونه و بازه زمانی متعلق به نمونه‌های مورد بررسی و همچنین تعداد ویژگی‌های در نظر گرفته شده برای هر نمونه می‌باشد.

نتیجه‌گیری

امروزه روش‌های هوش مصنوعی و یادگیری ماشین در علم پزشکی به‌خصوص در تشخیص بیماری‌ها به‌کار گرفته می‌شوند. از آنجایی‌که بیماری سل در کشور ما شیوع نسبتاً زیادی به‌ویژه در استان‌های سیستان و بلوچستان و گلستان دارد و تشخیص به‌موقع این بیماری در درمان آن نقش بسزایی دارد، در نتیجه، توسعه سریع و دقیق ابزار و تکنیک‌های تشخیصی جدید برای تشخیص به‌موقع بیماری سل ضروری است. در این پژوهش، الگوریتم بیز ساده برای تشخیص بیماری سل ریوی به‌کارگرفته شد و با دقت ۹۵/۹۸٪ بیماری سل ریوی را تشخیص داد. حساسیت ۹۳/۵۹٪ و ویژگی ۹۸/۵۳٪ به‌دست آمد. طبق نتایج حاصل شده از این پژوهش، عملکرد مدل بیز ساده برای تشخیص سل ریوی دارای دقت بالایی می‌باشد. بنابراین، سیستم تشخیص پیشنهادی می‌تواند موجب اقداماتی به‌موقع و مناسب جهت کنترل سرایت سل ریوی به سایر افراد و تسریع بهبود این بیماری و کاهش هزینه‌های مربوط به بیماری باشد.

هرچند که یافته‌های این پژوهش توجیه شده‌اند اما پیشنهاد می‌شود که این سیستم در سایر محیط‌ها با مجموعه داده‌های مختلف، در سایر مراکز درمانی و یا سایر مقاطع زمانی مورد بررسی قرارگیرد. همچنین ایجاد و توسعه‌ی برنامه‌های نرم‌افزاری تلفن همراه برای تشخیص اولیه یا تایید تشخیص بیماران سل ریوی پیشنهاد می‌شود. به‌طوری‌که کاربر پاسخ‌های مربوط به یک سری سوال را وارد می‌کند یا نتایج آزمایش‌ها به‌صورت دستی توسط کاربر یا پزشک وارد می‌شود.

مطالعات آینده می‌تواند شامل استفاده از یک پایگاه داده‌ی

بیماری سل با هوش مصنوعی متغیرهای ورودی، مجموعه داده‌ها و الگوریتم‌های مختلفی را بررسی نمودند، بنابراین مقایسه مستقیم نتایج به‌دست آمده چندان مناسب نیست. با این حال برای بیان نتایج و عملکرد مناسب الگوریتم بیز ساده در این مطالعه و همچنین توانایی الگوریتم‌های هوش مصنوعی در تشخیص بیماری سل با استفاده از معاینه مقدماتی و آزمایش‌های پزشکی، چند مطالعه‌ی مشابه در ادامه ذکر می‌گردد. Er و همکاران در سال ۲۰۱۰، به تشخیص بیماری‌های قفسه سینه با استفاده از شبکه عصبی مصنوعی پرداختند. مجموعه داده‌های مورد استفاده در آن پژوهش شامل ۳۵۷ نمونه در ۶ کلاس سل، سرطان قفسه سینه، انسداد ریوی مزمن، ذات‌الریه، آسم و فاقد بیماری بود برای هر نمونه ۳۸ ویژگی آزمایشگاهی در نظر گرفته شد. بیشترین میانگین صحت طبقه‌بندی برای شبکه عصبی احتمالی ۹۲/۱۶٪ به‌دست آمد (۲۴). در یک مطالعه دیگر برای تشخیص بیماری سل شبکه‌های عصبی چندلایه به‌کار گرفته شد. برای این منظور دو ساختار متفاوت شبکه‌های عصبی چند لایه با یک لایه پنهان و دو لایه پنهان استفاده شد و همچنین از یک شبکه عصبی رگرسیون عمومی برای مقایسه استفاده کردند. در آن مطالعه نیز از ۳۸ ویژگی نتایج معاینه آزمایشگاهی برای تشخیص بیماری سل استفاده شده است. شبکه عصبی چند لایه با دو لایه پنهان بهترین صحت طبقه‌بندی ۹۵/۰۸٪ برای تشخیص بیماری سل را فراهم آورد (۱۰). Orjuela-Canon و همکاران در سال ۲۰۱۸، از ۱۰۵ نفر از افراد مبتلا به بیماری سل ریوی اطلاعاتی شامل سن، جنسیت، علائم بالینی، ایدز، بی‌خانمانی و دیابت تهیه کردند. با استفاده از شبکه عصبی مصنوعی پرسپترون چند لایه و شبکه عصبی خود سازمان‌دهنده به‌ترتیب به صحت ۷۷/۵٪ و ۸۵/۷٪ برای تشخیص بیماری سل ریوی دست یافتند (۲۵). همچنین در تشخیص بیماری سل شبکه عصبی چند لایه با دو لایه پنهان و الگوریتم ژنتیک برای آموزش شبکه عصبی نیز استفاده شده است که ۹۴/۸۸٪ صحت در طبقه‌بندی بیماران به‌دست آمد (۲۶). در مطالعه‌ای دیگر از سیستم استنتاج فازی مبتنی بر شبکه و مجموعه‌ی راف (rough sets) برای تشخیص بیماری سل استفاده شده است. در آن مطالعه از ۵۰۳ نمونه با ۳۰ ویژگی شامل داده‌های جمعیت شناختی،



بزرگتر و یا افزایش ویژگی‌ها، توسعه‌ی مدل‌های جدید بر اساس تکنیک‌ها و رویکردهای مختلف به‌ویژه مدل‌های مبتنی بر تکنیک‌های خوشه‌بندی باشد.

صنایع-بهینه‌سازی سیستم‌ها در دانشگاه سیستان و بلوچستان با عنوان «تشخیص بیماری سل ریوی با استفاده از هوش مصنوعی» با کد ۲۶۰۸۹۹۸ می‌باشد. بدین وسیله از مرکز تحقیقات سل بالینی و اپیدمیولوژی و دکتر پروانه بقایی بابت همکاری و در اختیار قرار دادن داده‌های مورد نیاز برای انجام پژوهش، تشکر و قدردانی می‌شود.

تشکر و قدردانی

این مقاله حاصل پایان نامه کارشناسی ارشد رشته مهندسی

منابع

1. World Health Organization. Global Tuberculosis report. Available at: http://www.who.int/tb/publications/global_report/en/. 2019.
2. Khan S, Ullah R, Shahzad S, Anbreen N, Bilal M & Khan A. Analysis of Tuberculosis disease through Raman spectroscopy and machine learning. *Photodiagnosis and Photodynamic Therapy* 2018; 24(1): 286-91.
3. Souza Filho JBO, Sanchez M, de Seixas JM, Maidantchik C, Galliez R, Moreira AD, et al. Screening for active pulmonary Tuberculosis: Development and applicability of artificial neural network models. *Tuberculosis* 2018; 111(1): 94-101.
4. Nasehi M & Mirhaghani L. Country guide on TB control. 2nd ed. Tehran: Andishmand; 2009: 3-8[Book in Persian].
5. Lopes UK & Valiati JF. Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors for Tuberculosis detection. *Computers in Biology and Medicine* 2017; 89(1): 135-43.
6. Office Tuberculosis Control and Leprosy. Delay in the diagnosis and treatment of Tuberculosis patients. Available at: http://tb-lep.behdasht.gov.ir/TB_Situation_in_Iran.aspx. 2003.
7. Bello S, Afolabi RF, Ajayi DT, Sharma T, Owoeye DO, Oduyoye O, et al. Empirical evidence of delays in diagnosis and treatment of pulmonary Tuberculosis: Systematic review and meta-regression analysis. *BMC Public Health* 2019; 19(1): 820.
8. Philipsen RH, Sanchez CI, Maduskar P, Melendez J, Peters-Bax L, Peter JG, et al. Automated chest-radiography as a triage for Xpert testing in resource-constrained settings: A prospective study of diagnostic accuracy and costs. *Scientific Reports* 2015; 5(1): 12215.
9. Heo SJ, Kim Y, Yun S, Lim SS, Kim J, Nam CM, et al. Deep learning algorithms with demographic information help to detect Tuberculosis in chest radiographs in annual workers' health examination data. *International Journal of Environmental Research and Public Health* 2019; 16(2): 250.
10. Er O, Temurtas F & Tanrıku AC. Tuberculosis disease diagnosis using artificial neural networks. *Journal of Medical Systems* 2010; 34(3): 299-302.
11. Shukla M & Agarwal S. Hybrid approach for Tuberculosis data classification using optimal centroid selection based clustering, India: Students Conference on Engineering and Systems, 2014.
12. Ayas S & Ekinci M. Random forest-based Tuberculosis bacteria classification in images of ZN-stained sputum smear samples. *Signal Image and Video Processing* 2014; 8(1): 49-61.
13. Costa Filho CF, Levy PC, Xavier CD, Fujimoto LB & Costa MG. Automatic identification of Tuberculosis Mycobacterium. *Research on Biomedical Engineering* 2015; 31(1): 33-43.
14. Hwang S, Kim HE, Jeong J & Kim HJ. A novel approach for Tuberculosis screening based on deep convolutional neural networks. *SPIE Medical Imaging* 2016; 9785(1): 97852.
15. Cao Y, Liu C, Liu B, Brunette MJ, Zhang N, Sun T, et al. Improving Tuberculosis diagnostics using deep learning and mobile health technologies among resource-poor and marginalized communities, USA: IEEE First International Conference on Connected Health: Applications, Systems and Engineering Technologies (CHASE), 2016.

16. Panicker RO, Kalmady KS, Rajan J & Sabu MK. Automatic detection of Tuberculosis bacilli from microscopic sputum smear images using deep learning methods. *Biocybernetics and Biomedical Engineering* 2018; 38(3): 691-9.
17. Heo SJ, Kim Y, Yun S, Lim SS, Kim J, Nam CM, et al. Deep learning algorithms with demographic information help to detect Tuberculosis in Chest radiographs in annual workers' health examination data. *International Journal of Environmental Research and Public Health* 2019; 16(2): 250.
18. Costello JC, Heiser LM, Georgii E, Gönen M, Menden MP, Wang NJ, et al. A community effort to assess and improve drug sensitivity prediction algorithms. *Nature Biotechnology* 2014; 32(12): 1202-12.
19. Yahyaoui's A, Yahyaoui I & Yumuşak N. Machine learning techniques for data classification. *Advances in Renewable Energies and Power Technologies* 2018; 2(1): 441-50.
20. Shobha G, Rangaswamy S. *Machine learning USA: Handbook of Statistics*; 2018: 197-228.
21. Koivu A, Korpimäki T, Kivela P, Pahikkala T & Sairanen M. Evaluation of machine learning algorithms for improved risk assessment for Down's syndrome. *Computers in Biology and Medicine* 2018; 98(1): 1-7.
22. Sotaquira M, Rueda L & Narvaez R. Detection and quantification of bacilli and clusters present in sputum smear samples: A novel algorithm for pulmonary Tuberculosis diagnosis. Thailand: *International Conference on Digital Image Processing*, 2009.
23. Melendez J, Sanchez CI, Philipsen RH, Maduskar P, Dawson R, Theron G, et al. An automated Tuberculosis screening strategy combining X-ray-based computer-aided detection and clinical information. *Scientific Reports* 2016; 6(1): 25265
24. Er O, Temurtas F & Tanrikulu AC. Tuberculosis disease diagnosis using artificial neural networks. *Journal of Medical Systems* 2010; 34(3): 299-302.
25. Orjuela-Canon AD, Mendoza JE, Garcia CE & Vela EP. Tuberculosis diagnosis support analysis for precarious health information systems. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 2018; 157(1): 11-7.
26. Elveren E & Yumuşak N. Tuberculosis disease diagnosis using artificial neural network trained with genetic algorithm. *Journal of Medical Systems* 2011; 35(3): 329-32.
27. Ucar T, Karahoca A & Karahoca D. Tuberculosis disease diagnosis by using adaptive neuro fuzzy inference system and rough sets. *Neural Computing and Applications* 2013; 23(2): 471-83.

Diagnosis of Pulmonary Tuberculosis Using Artificial Intelligence (Naive Bayes Algorithm)

Nastaran Abbasi Hasanabadi¹ (M.S.) - Farzad Firouzi Jahantigh²
(Ph.D) - Payam Tabarsi³ (M.D)

1 Master of Science in Industrial Engineering, Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering Shahid Nikbakht, Sistan and Baluchestan University, Zahedan, Iran

2 Associate Professor, Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering Shahid Nikbakht, Sistan and Baluchestan University, Zahedan, Iran

3 Professor, Department of Infectious, Clinical Tuberculosis and Epidemiology Research Center, Masih Daneshvari Hospital, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

Abstract

Received: Aug 2019

Accepted: Dec 2019

Background and Aim: Despite the implementation of effective preventive and therapeutic programs, no significant success has been achieved in the reduction of tuberculosis. One of the reasons is the delay in diagnosis. Therefore, the creation of a diagnostic aid system can help to diagnose early Tuberculosis. The purpose of this research was to evaluate the role of the Naive Bayes algorithm as a tool for the diagnosis of pulmonary Tuberculosis.

Materials and Methods: In this practical study, the study population included Patients with TB symptoms, the study sample is recorded data of 582 individuals with primary Tuberculosis symptoms in Tehran's Masih Daneshvari Hospital. The data of samples were investigated in two classes of pulmonary Tuberculosis and non-Tuberculosis. A Naive Bayes algorithm for screening pulmonary Tuberculosis using primary symptoms of patients has been used in Python software version 3.7.

Results: Accuracy, sensitivity and specificity after the implementation of the Naive Bayes algorithm for diagnosis of pulmonary Tuberculosis were %95.89, %93.59 and %98.53, respectively, and the Area under curve was calculated %98.91.

Conclusion: The performance of a Naive Bayes model for diagnosis of pulmonary Tuberculosis is accurate. This system can be used to help the patient and manage illness in remote areas with limited access to laboratory resources and healthcare professional and cause to diagnose early Tuberculosis. It can also lead to timely and appropriate proceedings to control the transmission of TB to other people and to accelerate the recovery of the disease.

Keywords: Pulmonary Tuberculosis, Naive Bayes Algorithm, Diagnosis, Artificial Intelligence

* Corresponding Author:
Firouzi Jahantigh F
Email :
Firouzi@eng.usb.ac.ir