

Xây dựng ứng dụng nhận dạng tự động kết quả hình ảnh kháng sinh đồ của thử nghiệm khuếch tán môi trường thạch Kirby-Bauer

Nguyễn Hoàng Bách^{1,2*}, Phan Thanh Luân², Ung Thị Thuý¹

(1) Bộ môn Vi Sinh, Trường Đại học Y - Dược, Đại học Huế

(2) Trung tâm Công nghệ Thông tin, Trường Đại học Y - Dược, Đại học Huế

Tóm tắt

Mục tiêu: Các công nghệ trí tuệ nhân tạo (AI: artificial intelligence) đã cho phép chúng ta tự động phân tích, xử lý và đưa ra quyết định dựa trên dữ liệu y tế khổng lồ. Nhờ đó, việc chẩn đoán bệnh đã trở nên chính xác hơn và nhanh chóng hơn, giúp tiết kiệm thời gian và tăng cường khả năng chữa trị. Trên cơ sở đó, chúng tôi tiến hành nghiên cứu ứng dụng máy học trong nhận dạng hình ảnh kết quả khoanh giấy khuếch tán Kirby-Bauer nhằm đặt tiền đề cho các nghiên cứu chuyên sâu hơn về sau trong ứng dụng trí tuệ nhân tạo hỗ trợ cán bộ y tế trong khám, chẩn đoán, hỗ trợ ra quyết định trong ngành y tế. **Đối tượng và phương pháp:** sử dụng 200 hình ảnh kết quả kháng sinh đồ bằng kỹ thuật khoanh giấy khuếch tán Kirby-Bauer có số lượng khoanh giấy kháng sinh ≤ 6 . Hình ảnh kết quả sẽ được gán nhãn nhằm phân biệt vùng ức chế và khoanh giấy kháng sinh. Sử dụng phương pháp SSD (Single-shot detection) MobileNet nhằm mục đích cân bằng về tốc độ, khả năng cài đặt triển khai và sự chính xác, thuận tiện khi xây dựng trên các thiết bị có sức mạnh tính toán hạn chế. Kết quả thu được từ mô hình nhận diện vị trí nhãn khoanh giấy kháng sinh được sử dụng làm đầu vào cho thuật toán nhận diện kết quả. **Kết quả và bàn luận:** 160 (80%) ảnh nhận dạng đủ thông tin số khoanh giấy kháng sinh, trong 40 ảnh thất bại thì có 30 (15%) ảnh không nhận dạng đủ số vòng tròn vô khuẩn và số khoanh giấy kháng sinh, 10 (5%) ảnh không thể nhận dạng. Ứng dụng có thể nhận diện và phân lớp các vị trí khoanh giấy kháng sinh và vòng vô khuẩn một cách chính xác với các ảnh có độ sáng, tương phản phù hợp. **Kết luận:** Chúng tôi đã xây dựng thành công bước đầu công cụ và thuật toán dựa trên mô hình máy học để xác định nhanh và chính xác các thông tin cần có của một kết quả kháng sinh đồ phương pháp đĩa thạch khuếch tán Kirby-Bauer gồm số lượng khoanh giấy kháng sinh, vòng tròn vô khuẩn, đường kính vòng tròn vô khuẩn... với tỉ lệ chính xác đạt 80%.

Từ khóa: học sâu, khoanh giấy khuếch tán, Kirby-bauer, nhận dạng hình ảnh, trí tuệ nhân tạo.

Building an application for automatic identification image result of Kirby-Bauer disk diffusion susceptibility test

Nguyen Hoang Bach^{1,2*}, Phan Thanh Luan², Ung Thi Thuy¹

(1) Dept. of Microbiology, Hue University of Medicine and Pharmacy, Hue University

(2) Center for Information Technology, Hue University of Medicine and Pharmacy, Hue University

Abstract

Objectives: AI (artificial intelligence) technologies have allowed us to automate the analysis, processing, and decision-making based on vast amounts of medical data. As a result, disease diagnosis has become more accurate and faster, saving time and enhancing treatment capabilities. Building upon this, we conducted a study on the application of machine learning in image recognition of Kirby-Bauer diffusion antibiotic susceptibility test results to lay the foundation for further research in the use of artificial intelligence to support healthcare professionals in examination, diagnosis, and decision-making in the medical field. **Material and methods:** We utilized 200 images of antibiotic susceptibility test results obtained through Kirby-Bauer diffusion technique, with the number of antibiotic zones ≤ 6 . The images were labeled to distinguish the inhibition zone and antibiotic zones. We employed the Single-shot Detection (SSD) MobileNet method to achieve a balance between speed, ease of deployment, and accuracy, especially when working with devices with limited computational power. The results obtained from the model's detection of antibiotic zone labels were used as input for the result recognition algorithm. **Results and discussion:** Out of the 200 images, 160 (80%) were successfully identified with sufficient information regarding the number of antibiotic zones. Among the 40 failed images, 30 (15%) lacked sufficient recognition of both the bacterial inhibition zones and

Địa chỉ liên hệ: Nguyễn Hoàng Bách, email: nhbach@huemed-univ.edu.vn

Ngày nhận bài: 2/3/2023; Ngày đồng ý đăng: 5/5/2023; Ngày xuất bản: 10/6/2023

DOI: 10.34071/jmp.2023.3.28

the number of antibiotic zones, while 10 (5%) images were unrecognizable. The application demonstrated accurate identification and classification of antibiotic zone positions and bacterial inhibition circles in images with appropriate brightness and contrast. **Conclusion:** We have successfully developed an initial tool and algorithm based on a machine learning model to quickly and accurately determine the necessary information of a Kirby-Bauer antibiotic susceptibility test result, including the number of antibiotic zones, bacterial inhibition circles, and diameter of inhibition circles, achieving an accuracy rate of 80%.

Keywords: deep learning, disk diffusion susceptibility test, Kirby-Bauer, image recognition, artificial intelligence.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trí tuệ nhân tạo (AI) là thuật ngữ dùng để mô tả việc sử dụng máy tính và công nghệ để mô phỏng hành vi và tư duy phản biện thông minh có thể so sánh với con người, để hoàn thành một số nhiệm vụ nhất định mà không cần con người can thiệp nhiều. Trong những năm gần đây, sự phát triển nhanh chóng của trí tuệ nhân tạo (AI) đã tạo ra những cơ hội đáng kể trong việc ứng dụng công nghệ này vào lĩnh vực y học [1]. Trong đó, việc sử dụng AI trong chẩn đoán bệnh là một trong những ứng dụng tiềm năng. Các công nghệ AI đã cho phép chúng ta tự động phân tích, xử lý và đưa ra quyết định dựa trên dữ liệu y tế khổng lồ. Nhờ đó, việc chẩn đoán bệnh đã trở nên chính xác hơn và nhanh chóng hơn, giúp tiết kiệm thời gian và tăng cường khả năng chữa trị. Tuy nhiên, việc ứng dụng của AI trong chẩn đoán y học cũng có những thách thức và cơ hội mà công nghệ này mang lại cho ngành y tế [2].

Kháng kháng sinh là một trong những mối đe dọa chính cho sức khỏe cộng đồng toàn cầu. Có nhiều nguyên nhân dẫn đến sự đề kháng kháng sinh và một trong những nguyên nhân quan trọng là việc sử dụng kháng sinh chưa hợp lý. Ước tính có khoảng 1,27 triệu người tử vong trực tiếp do kháng thuốc vào năm 2019 và con số này có thể lên đến 10 triệu người vào năm 2050 [3,4]. Kháng sinh đồ là phương pháp thực hiện nhằm xác định độ nhạy cảm của kháng sinh thử nghiệm đối với vi khuẩn gây bệnh. Do đó, kháng sinh đồ giúp cho bác sĩ trong việc chọn lựa kháng sinh và đưa ra phác đồ điều trị thích hợp cho từng bệnh nhân. Ngày nay có rất nhiều phương pháp thử nghiệm kháng sinh đồ, trong đó phương pháp khoan giấy khuếch tán Kirby-Bauer được áp dụng phổ biến nhất tại các phòng xét nghiệm thông thường. Vi khuẩn được đánh giá là nhạy cảm (S), trung gian (I) hoặc đề kháng (R) bằng cách so sánh đường kính vùng ức chế với điểm nhạy cảm-giới hạn (breakpoint) được thiết lập bởi các Ủy ban Châu Âu về thử nghiệm tính nhạy cảm của kháng sinh (EUCAST) hoặc Viện Chuẩn thức về Lâm sàng và Xét nghiệm (CLSI) [5,6].

Hiện nay, các hệ thống máy làm kháng sinh đồ tự động đã và đang được sử dụng trong các bệnh viện và phòng thí nghiệm. Các hệ thống này tự động

hóa một cách hoàn hảo với mức độ chuẩn hóa cao cho các quy trình nuôi cấy nhằm nâng cao chất lượng và rút ngắn thời gian xét nghiệm. Tuy nhiên, nhu cầu sử dụng hệ thống tự động vẫn còn hạn chế ở nhiều cơ sở y tế do sự thiếu hụt về kinh phí và cơ sở vật chất...[7,8]. Do đó, phương pháp khoan giấy khuếch tán Kirby-Bauer vẫn là phương pháp được sử dụng thường quy và phổ biến ở các cơ sở y tế hạng 2 và hạng 1 trên cả nước. Trong kỹ thuật khoan giấy khuếch tán Kirby-Bauer, một bước mà máy móc có thể thay thế kỹ thuật viên là xác định vòng tròn vô khuẩn và khoan giấy kháng sinh. Để từ đó có khả năng tính toán được đường kính vòng tròn vô khuẩn dựa trên đường kính tham chiếu của khoan giấy kháng sinh [6]. Với xu hướng ứng dụng trí tuệ nhân trong ngành y tế, đã có các nghiên cứu xây dựng các ứng dụng hỗ trợ các nhân viên y tế trong công tác khám chữa bệnh nhằm giảm thiểu sai sót, giảm thời gian thực hiện và có thể áp dụng vào việc phát triển các hệ thống hoàn chỉnh giúp đọc kết quả kháng sinh đồ kỹ thuật khoan giấy khuếch tán Kirby-Bauer [9,10]. Tuy nhiên, các ứng dụng này vẫn còn nhiều hạn chế như hoạt động như một ứng dụng độc lập, thiếu khả năng lưu trữ đám mây... Trên cơ sở đó chúng tôi tiến hành nghiên cứu ứng dụng máy học trong nhận dạng hình ảnh kết quả khoan giấy khuếch tán Kirby-Bauer nhằm đặt tiền đề cho các nghiên cứu chuyên sâu hơn về sau trong ứng dụng trí tuệ nhân tạo hỗ trợ cán bộ y tế trong khám, chẩn đoán, hỗ trợ ra quyết định trong ngành y tế.

2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu:

- Hình ảnh kết quả kháng sinh đồ: nghiên cứu sử dụng 200 hình ảnh kết quả kháng sinh đồ bằng kỹ thuật khoan giấy khuếch tán Kirby-Bauer thực hiện tại Khoa Vi sinh, Bệnh viện Trường Đại học Y - Dược Huế được chụp bằng các thiết bị webcam độ phân giải cao, máy ảnh trên điện thoại thông minh. Hình ảnh được chụp theo phương ngang. Các hình ảnh được thu thập trong điều kiện ánh sáng đầy đủ. Hình ảnh thu nhận là mặt đáy của đĩa kháng sinh đồ có số lượng khoan giấy kháng sinh không lớn hơn 6 trên mỗi đĩa.

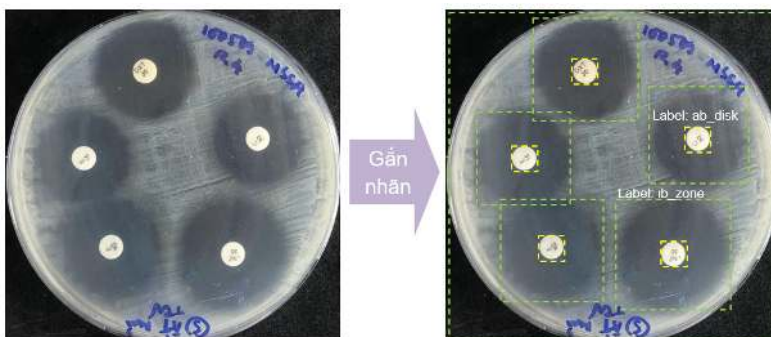
- **Tiêu chuẩn loại trừ:** các hình ảnh bị mờ, có vùng loá sáng, ngược sáng che phủ một phần hoặc toàn bộ vùng vô khuẩn của một khoan giấy bất kỳ. Các hình ảnh bị mờ, nhoè các ký tự in trên khoan giấy kháng sinh, hoặc có số khoan giấy lớn hơn 6.

2.2. Phương pháp nghiên cứu:

2.2.1. Xây dựng tập dữ liệu (dataset) huấn luyện

Tập dữ liệu huấn luyện được xây dựng trên tập ảnh

chụp kết quả đĩa kháng sinh; Theo đó, hình ảnh kết quả sẽ được gán nhãn nhằm phân biệt vùng ức chế và khoan giấy kháng sinh. Với các chức năng hỗ trợ từ phần mềm mã nguồn mở labelImg (<https://github.com/heartexlabs/labelimg>), tập dữ liệu sẽ bao gồm “bounding box” của 2 đối tượng cần nhận diện là vùng ức chế và khoan giấy kháng sinh với tạo thành hình khung chữ nhật bao quanh như hình 1 [11].



Hình 1. Gắn nhãn hình ảnh kết quả kháng sinh đồ bằng phần mềm labelImg

2.2.2. Xây dựng mô hình nhận dạng kết quả kháng sinh đồ tự động theo phương pháp học sâu (Deep Learning)

Sử dụng các mô hình phát hiện đối tượng (object detection)

Có nhiều phương pháp phát hiện đối tượng dựa theo phương pháp học sâu hiện đang sử dụng là Region-based Convolutional Neural Networks (R-CNN), Single-Shot Detection (SSD), You Only Look Once (YOLO)..., trong đó R-CNN có độ chính xác cao hơn nhưng tốc độ không cao. Trong khi đó SSD và YOLO thì ưu tiên tốc độ nên chạy nhanh hơn rất nhiều. Mô hình SSD đầu tiên đã sử dụng mạng VGG (Visual Geometry Group), một trong những cấu trúc mạng neuron tốt nhất tại thời điểm đó [12]. Với sự phát triển của công nghệ hiện tại, chúng ta có thể sử dụng cấu trúc mạng bất kỳ để làm mạng cơ sở, miễn là cấu trúc đó hoạt động tốt cho “nhiệm vụ” phân loại ảnh. MobileNet là mô hình phân loại ảnh được ra mắt vào năm 2017 bởi nhóm nghiên cứu từ Google Inc. Đây là được thiết kế dành riêng cho các thiết bị với không gian lưu trữ và khả năng tính toán không quá cao. MobileNet có độ chính xác tương đương với VGG nhưng lại có kích thước nhỏ hơn khoảng 20 lần (20 MB so với 500 MB). Khi triển khai MobileNet làm mô hình cơ sở trong SSD, chúng ta có một mô hình phát hiện đối tượng vừa nhỏ gọn vừa chính xác. Do đó, chúng tôi lựa chọn phương pháp SSD MobileNet nhằm mục đích cân bằng về tốc độ, khả năng cài đặt triển khai và sự chính xác, thuận tiện khi xây dựng trên các thiết bị có sức mạnh tính

toán hạn chế [13].

2.2.3. Xây dựng phương pháp/thuật toán

Kết quả thu được từ mô hình nhận diện vị trí nhãn khoan giấy kháng sinh được sử dụng làm đầu vào cho thuật toán nhận diện kết quả. Để xây dựng tập dữ liệu nhận diện nhãn kháng sinh, chúng tôi sử dụng kết quả thu được từ mô hình nhận diện đối tượng khoan giấy kháng, sinh, sử dụng bộ công cụ thư viện dành cho thị giác máy tính thời gian thực OpenCV, được cấp phép dưới dạng phần mềm mã nguồn mở miễn phí để cắt hình ảnh tự động để xây dựng tập dữ liệu phân lớp hình ảnh nhãn đĩa kháng sinh.

Mô hình phân lớp sử dụng hình ảnh đầu vào 80×80 pixel, vì vậy để hình ảnh đạt kết quả tốt, cần sử dụng hình ảnh tối thiểu là 1280×1280 pixel cho mỗi hình ảnh đĩa kháng sinh. Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng tập dữ liệu với hình ảnh với trung bình từ 4 - 6 khoan giấy kháng sinh trên một đĩa thạch.

3. KẾT QUẢ

3.1. Nhận dạng dữ liệu vòng tròn vô khuẩn và khoan giấy kháng sinh

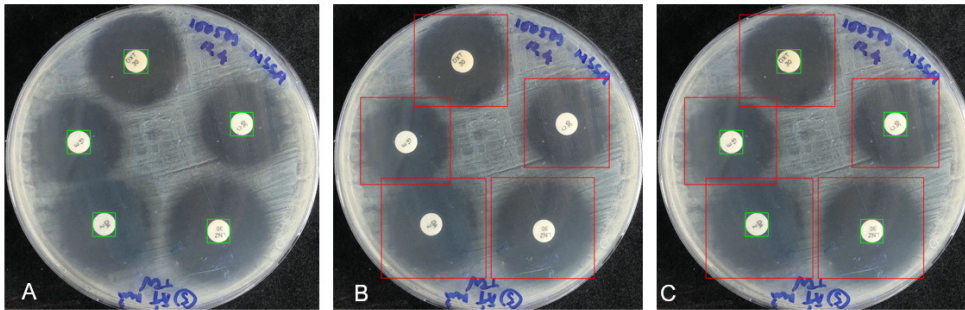
Trong 200 ảnh kết quả kháng sinh đồ, 160 (80%) ảnh nhận dạng đủ thông tin số khoan giấy kháng sinh, trong 40 ảnh thất bại thì có 30 (15%) ảnh không nhận dạng đủ số vòng tròn vô khuẩn và số khoan giấy kháng sinh, 10 (5%) ảnh không thể nhận dạng (bảng 1). Ứng dụng có thể nhận diện và phân lớp các vị trí khoan giấy kháng sinh và vòng vô khuẩn một cách chính xác với các ảnh có độ sáng, tương phản

phù hợp. Hệ thống nhận diện trên hình ảnh đầu vào và phân tích dựa trên dữ liệu đã huấn luyện sẽ xác định dữ liệu nhãn khoan giấy kháng sinh (hình 2.A)

và dữ liệu vùng vô khuẩn (hình 2.B). Hình ảnh phân tích hoàn chỉnh khi số vùng vô khuẩn và khoan giấy kháng sinh bằng nhau (hình 2.C).

Bảng 1. Kết quả xác định, nhận diện kết quả kháng sinh đồ phương pháp đĩa thạch khuếch tán Kirby-Bauer bằng ứng dụng AI

Số KS/đĩa (90mm)	Xác định chính xác	Thiếu vùng vô khuẩn/kháng sinh	Không xác định được	Tổng số
4	75	8	2	85
5	23	9	3	35
6	62	13	5	80
Tổng cộng	160	30	10	200



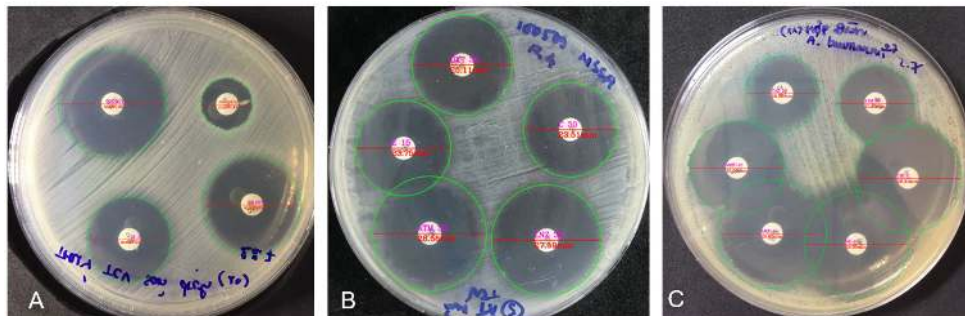
Hình 2. Nhận dạng hai dữ liệu: khoan giấy kháng sinh, vùng vô khuẩn trên đĩa kết quả kháng sinh đồ Kirby-Bauer (90 mm 5 kháng sinh)

3.2. Xác định đường kính vòng tròn vô khuẩn

Sau khi thu được danh sách các khoan giấy kháng sinh và vòng vô khuẩn, tiến hành kiểm tra để sàng lọc các vùng có khả năng nhận dạng sai, chỉ đưa vùng có khoan giấy kháng sinh nằm trong vào danh sách, các vùng nếu không có khoan giấy sẽ bị loại bỏ, các khoan giấy không có vùng vô khuẩn mặc định có kích thước 0mm. Chạy thuật toán bằng mô hình đã huấn luyện “ib_zone” ta sẽ được tập tọa độ khung vùng ức chế, trong đó trường hợp không có sẽ là trường hợp đặc biệt, đặc điểm nhận dạng sẽ là 1 vòng màu đen và 1 vòng màu trắng ở giữa. Kháng sinh trong phương pháp Kirby-Bauerr sẽ khuếch tán xung quanh khoan giấy kháng sinh nên vòng

tròn vô khuẩn sẽ là vòng tròn đồng tâm cùng khoan giấy kháng sinh. Trong nghiên cứu này, chúng tôi không xác định chung với khoan giấy kháng sinh “ab_disk”, vì vòng tròn vùng vô khuẩn “ib_zone” sẽ bao hàm với “ab_disk” vì 2 hình tròn này là đồng tâm. Việc xác định hoặc huấn luyện sẽ gây nhầm lẫn vì thuật toán sẽ hiểu 2 đối tượng khác nhau cần phân tách khác nhau.

Đường kính khoan giấy kháng sinh là 6mm nên khoan giấy kháng sinh sẽ được đưa vào một mô hình CNN dùng để phân lớp dữ liệu, tiến hành tính kích thước và trả kết quả dựa trên đường kính chuẩn của khoan giấy kháng sinh dựa trên tỉ lệ đường kính của vòng tròn vô khuẩn và khoan giấy kháng sinh (hình 3).



Hình 3. Nhận dạng tự động bằng ứng dụng với các đĩa kháng sinh đồ trên các nhóm số lượng khoan giấy kháng sinh khác nhau. A: 4 kháng sinh; B: 5 kháng sinh; C: 6 kháng sinh

3.3. Các kết quả không thể nhận dạng thông tin bằng ứng dụng AI

Xác định thiếu khoanh giấy kháng sinh và vùng vô khuẩn

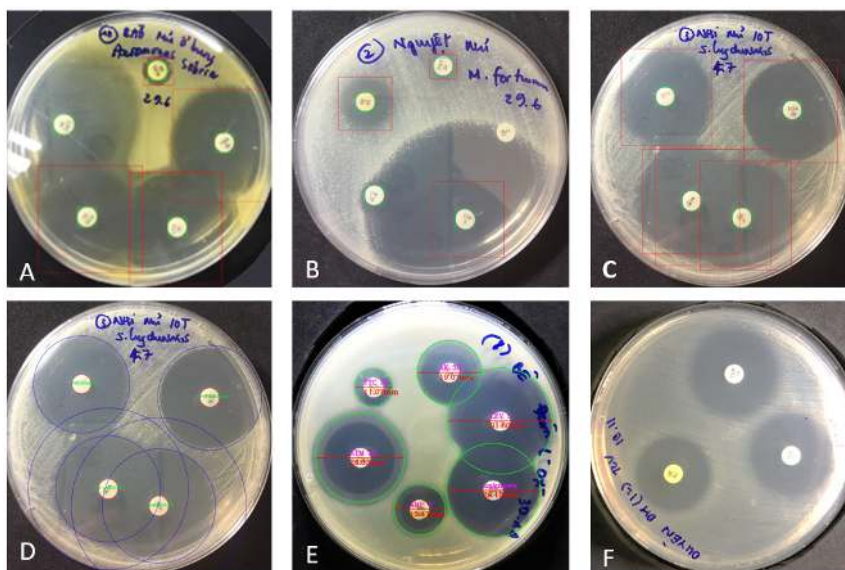
Khi xử lý các đĩa kháng sinh đồ có số lượng khoanh giấy kháng sinh là 6, đồng thời các chủng vi khuẩn khá nhạy cảm với các kháng sinh thực nghiệm làm cho kích thước các vùng vô khuẩn của mỗi kháng sinh lớn. Điều này dẫn đến các vòng vô khuẩn chồng lấn lên nhau, dẫn đến thuật toán không xác định đủ các vòng vô khuẩn. Tỷ lệ sai lệch này sẽ giảm đi khi đường kính vòng vô khuẩn giảm hoặc số lượng khoanh giấy kháng sinh giảm (hình 4.A-D).

Xác định sai đường kính vòng vô khuẩn (chủ yếu rộng hơn)

Một số vùng vô khuẩn có các khuẩn lạc nhỏ mọc trong vùng vô khuẩn...viết theo tiêu chí CLSI (hình 4.E)

Không nhận diện, xác định được dữ liệu hình ảnh kết quả

Bên cạnh các trường hợp xử lý lỗi trên, có một tỷ lệ ảnh kết quả không nhận diện được do hình ảnh mờ, độ tương phản không tốt. Việc độ sáng (brightness) và độ tương phản (contrast) của hình ảnh ảnh hưởng đến thuật toán khi nhận dạng được ranh giới giữa các vật thể cần xác định là nền đĩa và vùng vô khuẩn cũng như khoanh giấy kháng sinh (hình 4.F).



Hình 4. Các hình ảnh kết quả kháng sinh đồ khi nhận diện bằng ứng dụng cho kết quả không đạt.

A: thiếu vùng vô khuẩn; B: thiếu khoanh giấy kháng sinh và vùng vô khuẩn;

C, D: Không nhận diện vùng vô khuẩn do chồng lấn, E: Nhận dạng sai đường kính vùng vô khuẩn;

F: không nhận dạng được do độ sáng và độ tương phản của ảnh.

4. BÀN LUẬN

Các ứng dụng trí tuệ nhân tạo (AI) trong lĩnh vực y tế đóng vai trò quan trọng trong cải thiện chẩn đoán, điều trị và quản lý dữ liệu y tế. AI sử dụng kỹ thuật học máy và khai thác dữ liệu để phân tích thông tin từ các tập dữ liệu lớn, giúp nhận diện dấu hiệu bất thường và mô hình bệnh. Điều này hỗ trợ bác sĩ đưa ra chẩn đoán chính xác và nhanh chóng, giảm thiểu sai sót và tối ưu hóa quá trình điều trị. AI hỗ trợ quyết định lâm sàng bằng cách tổ chức thông tin y tế và cung cấp hướng dẫn dựa trên bằng chứng khoa học và kiến thức y tế mới nhất. Điều này giúp bác sĩ đưa ra quyết định thông minh và tối ưu hóa quy trình chăm sóc bệnh nhân. AI còn có vai trò quan trọng trong quản lý dữ liệu y tế, giúp tự động trích xuất thông tin và tăng tính chính xác của dữ liệu [14].

Hiện nay, có các thiết bị dạng đóng gói bao gồm phần cứng và phần mềm chuyên biệt cho công tác phiên giải kết quả kháng sinh đồ khuếch tán. BIOMIC V3 là một hệ thống mở sử dụng hình ảnh số để tự động đọc và giải thích các kết quả xét nghiệm vi sinh học lâm sàng theo hướng dẫn của CLSI/EUCAST. Hệ thống hình ảnh số của BIOMIC V3 chụp một hình ảnh của đĩa agar với các đĩa chứa kháng sinh. Sau đó, hệ thống phân tích hình ảnh và tự động đo kích thước của vùng khu trú của vi khuẩn. Nó áp dụng các tiêu chí giải thích thích hợp dựa trên hướng dẫn của CLSI hoặc EUCAST để xác định tính nhạy cảm của vi khuẩn đối với các kháng sinh đã được kiểm tra. Ưu điểm của hệ thống này là có khả năng phân tích được nhiều loại hình ảnh khác nhau, tốc độ nhanh và khá chính xác vì các tiêu chuẩn hình ảnh đầu vào đã

được hệ thống phần cứng tối ưu. Tuy nhiên, nhược điểm của hệ thống này là chi phí khá cao khi chỉ sử dụng để phiên giải kết quả, điều mà Vitek 2 có thể làm một cách tự động mà không cần sự tham gia của nhân viên y tế. Do là hệ thống đóng nên phần mềm phải được cập nhật và khả năng sử dụng rộng rãi sẽ khó khăn hơn đối với một ứng dụng chạy trên nền tảng đám mây [15,16].

Ứng dụng trí tuệ nhân tạo (AI) trong lĩnh vực chăm sóc sức khỏe không ngừng phát triển và đã có nhiều sản phẩm ứng dụng AI được giới thiệu trên thị trường, từ các ứng dụng giúp tự theo dõi sức khỏe cho đến các ứng dụng tại các cơ sở y tế trong chẩn đoán và điều trị, nghiên cứu khoa học và đào tạo... Năm 2018, các nhà nghiên cứu tại Bệnh viện Đại học Quốc gia Seoul và Đại học Y khoa đã phát triển các thuật toán “phát hiện tự động dựa trên nền tảng học sâu” (DLAD - Deep Learning-based Automatic Detection) để phân tích ảnh chụp X-quang ngực và phát hiện sự phát triển bất thường của tế bào, chẳng hạn như ung thư tiềm ẩn. Hiệu suất của thuật toán được so sánh với khả năng phát hiện của nhiều bác sĩ trên cùng một hình ảnh và vượt trội hơn 17 trong số 18 bác sĩ [17]. Các nhà nghiên cứu tại Google AI Healthcare, cũng vào mùa thu năm 2018, người đã tạo ra một thuật toán AI tên gọi LYNA (Lymph Node Assistant), phân tích mô học trên các mẫu mô nhuộm màu để xác định các khối u ung thư vú di căn từ hạch bạch huyết. Đây không phải là ứng dụng đầu tiên của AI để thử phân tích mô học, nhưng thú vị là thuật toán này có thể xác định các vùng khả nghi mà mắt người không thể phân biệt được trong các mẫu sinh thiết được đưa ra. LYNA đã được thử nghiệm trên hai tập dữ liệu và được chứng minh là có thể phân loại chính xác một mẫu là ung thư hay không ung thư một cách chính xác 99% của thời gian. Hơn nữa, khi được đưa cho các bác sĩ sử dụng cùng với phân tích mẫu mô nhuộm điển hình của họ, LYNA đã giảm một nửa thời gian xem xét slide trung bình [18].

Ở Việt Nam, trong thời gian gần đây, hệ thống trí tuệ nhân tạo DrAid do Trung tâm Xử lý ảnh y tế VinBrain, trực thuộc Vin Bigdata phát triển cho phép các bác sĩ chẩn đoán hình ảnh chẩn đoán bệnh lý phổi trên ảnh X-quang lồng ngực, chẩn đoán ung thư vú trên ảnh X-quang tuyến vú, xác định các bất thường trên hình ảnh CT/MRI sọ não và phát hiện các bất thường trên phim chụp X-quang cột sống đã được thử nghiệm lâm sàng tại một số bệnh viện lớn như Bệnh viện Trung ương Quân đội 108, Bệnh viện Đại học Y Hà Nội, Bệnh viện Đa khoa Quốc tế Vinmec. DrAid đã được hội đồng y khoa đánh giá cao, với độ chính xác gần 90%, khi độ đồng thuận trung bình của AI và bác sĩ là 85,7%, trong khi độ đồng thuận trung

bình giữa các bác sĩ là 86,2%. Với X-quang phổi, VinDr có khả năng hỗ trợ chẩn đoán theo thời gian thực, phát hiện được 28 loại tổn thương và bệnh lý trên ảnh X-quang lồng ngực... đặc biệt là có độ chính xác tương đương với các bác sĩ đang làm việc ở tuyến trung ương sẽ giúp ích rất nhiều cho các bác sĩ mới vào nghề và đặc biệt là hỗ trợ các bác sĩ ở tuyến dưới và thu hẹp khoảng cách về chất lượng khám, chữa bệnh ở các tuyến. Các lĩnh vực cận lâm sàng hầu như chưa được triển khai nghiên cứu ứng dụng AI trong quá trình hỗ trợ chẩn đoán ở Việt Nam [19].

Phương pháp Kirby Bauer tương đối đơn giản, có thể thực hiện thủ công, không yêu cầu trang thiết bị hiện đại. Tuy nhiên, phương pháp này tồn tại một số nhược điểm. Thứ nhất, phương pháp này tốn nhiều thời gian và nguồn lực khi thực hiện với số lượng mẫu lớn. Thứ hai, độ chính xác của kháng sinh đồ phụ thuộc vào nhiều yếu tố như trình độ kỹ thuật của các kỹ thuật viên từ việc chuẩn bị các đĩa môi trường (độ dày, pH), độ đục vi khuẩn hay lựa vi khuẩn rỗng... Bên cạnh đó, đường kính vùng ức chế được đo bằng thước compa trượt, đọc kết quả bằng mắt, đơn vị đo tính gần đúng đến mi-li-mét và trong một số trường hợp, vùng ức chế của các kháng sinh đặt gần nhau chồng lên nhau hoặc mở rộng ra quá mép của đĩa thạch. Những vấn đề này gây khó khăn cho việc xác định đường kính vòng vô khuẩn, dễ gây sai số lớn vì phụ thuộc nhiều vào tính chủ quan của người đọc. Thứ ba, việc phiên giải kết quả kháng sinh đồ đòi hỏi người có chuyên môn như nắm được cơ chế đề kháng tự nhiên của một số vi khuẩn với một số kháng sinh hay tính nhạy cảm đối với một hoặc một nhóm kháng sinh có thể được suy luận từ tính nhạy cảm của vi khuẩn đó đối với một hoặc một nhóm kháng sinh khác... Việc diễn giải kết quả được dựa trên các quy tắc phiên giải kết quả của các hiệp hội khoa học như CLSI hoặc EUCAST. Các công việc này có thể hoàn toàn được thực hiện nhanh hơn, chính xác hơn khi sử dụng AI. Công cụ chúng tôi cho phép xử lý kết quả kháng sinh đồ đĩa thạch khuếch tán một cách nhanh chóng, lưu trữ lâu dài trên “đám mây” và cho phép truy cập bất kỳ đâu với bất kỳ thiết bị nào có kết nối internet. Việc nhận dạng kết quả kháng sinh đồ hiện vẫn còn một số hạn chế, phần lớn phụ thuộc vào chất lượng hình ảnh thu nhận khi kỹ thuật viên chụp ảnh. Điều này có thể được khắc phục khi chúng ta phát triển một hệ thống phần cứng chuyên biệt cho việc chụp ảnh như hệ thống BIOMIC V3. Trên cơ sở xây dựng các chức năng tinh chỉnh hình ảnh trước khi phân tích như tăng giảm độ sáng, độ tương phản của ảnh trước khi phân tích. Đối với chức năng xác định đường kính vòng tròn vô khuẩn tự động sẽ bổ sung chức năng

thay đổi đường kính theo đề xuất của người phân tích, chức năng tự động có vai trò hỗ trợ ra quyết định. Để phát triển ứng dụng AI vào thực tiễn đọc kết quả kháng sinh đồ, cần xây dựng cơ sở dữ liệu cập nhật, cụ thể hoá dữ liệu cho từng nhóm kháng sinh, phân tích và đánh giá kết quả kháng sinh đồ, phát triển giao diện người dùng và tăng cường tính bảo mật. Điều này giúp cung cấp thông tin hữu ích và hỗ trợ quyết định cho các chuyên gia y tế trong việc lựa chọn và sử dụng kháng sinh một cách hiệu quả, cụ thể như sau:

Xây dựng cơ sở dữ liệu cập nhật: thiết kế một cơ sở dữ liệu phù hợp để lưu trữ và quản lý thông tin về kết quả kháng sinh đồ. Cơ sở dữ liệu có thể được xây dựng bằng cách sử dụng các hệ quản trị cơ sở dữ liệu như MySQL, PostgreSQL hoặc MongoDB. Đảm bảo cơ sở dữ liệu được cập nhật thường xuyên từ các nguồn tin tức y tế, nghiên cứu khoa học, công bố y học và các nguồn dữ liệu khác liên quan đến kháng sinh đồ. Xác định các thông tin cần thu thập và lưu trữ, bao gồm tên kháng sinh, phổ cực đại kháng sinh, nồng độ tối thiểu ức chế tối đa (MIC), thông tin về chủng vi khuẩn, vùng định cư, khu vực định cư và thời gian.

Cụ thể hoá dữ liệu cho từng nhóm kháng sinh: Xác định các nhóm kháng sinh cụ thể trong cơ sở dữ liệu, ví dụ: beta-lactams, aminoglycosides, quinolones, tetracyclines, và sulfonamides. Lưu trữ thông tin về mỗi nhóm kháng sinh bao gồm các tên thương hiệu, tên chung, cơ chế hoạt động, phổ cực đại kháng sinh và thông tin liên quan khác. Cung cấp thông tin chi tiết về kháng sinh cụ thể, bao gồm cơ chế tác động, liều lượng, tác dụng phụ, cách sử dụng và hướng dẫn liên quan.

Phân tích và đánh giá kết quả kháng sinh đồ: Sử dụng kỹ thuật học máy và xử lý ngôn ngữ tự nhiên để

phân tích và đánh giá các kết quả kháng sinh đồ từ các bài báo y học, tài liệu nghiên cứu hoặc bản ghi y tế. Tạo mô hình dự đoán dựa trên dữ liệu có sẵn để đưa ra đánh giá về kháng sinh đồ của một chủng vi khuẩn cụ thể. Tích hợp các công cụ hỗ trợ quyết định vào ứng dụng, giúp cung cấp thông tin hữu ích về lựa chọn kháng sinh phù hợp và đánh giá khả năng kháng thuốc.

Phát triển giao diện người dùng: Xây dựng một giao diện người dùng thân thiện và dễ sử dụng cho ứng dụng AI, cho phép người dùng tìm kiếm, tra cứu và xem kết quả kháng sinh đồ một cách dễ dàng. Cung cấp khả năng tương tác với ứng dụng, cho phép người dùng thêm thông tin mới, báo cáo kết quả kháng sinh đồ mới và chia sẻ thông tin liên quan đến kháng sinh đồ.

Tăng cường tính bảo mật: Áp dụng các biện pháp bảo mật để đảm bảo an toàn và bảo mật thông tin trong cơ sở dữ liệu, như mã hóa dữ liệu và kiểm soát quyền truy cập. Tuân thủ các quy định và quy tắc bảo vệ dữ liệu cá nhân và quyền riêng tư, như GDPR (General Data Protection Regulation) hoặc các quy định tương tự.

5. KẾT LUẬN

Chúng tôi đã xây dựng thành công bước đầu công cụ và thuật toán dựa trên mô hình máy học để xác định nhanh và chính xác các thông tin cần có của một kết quả kháng sinh đồ phương pháp đĩa thạch khuếch tán Kirby-Bauer gồm số lượng khoanh giấy kháng sinh, vòng tròn vô khuẩn, đường kính vòng tròn vô khuẩn... Tỷ lệ chính xác đạt 80% và tỷ lệ này có thể tăng thêm nếu có các phương pháp khắc phục các yếu tố ảnh hưởng đến chất lượng hình ảnh đầu vào như độ sáng, độ tương phản...

TÀI LIỆU THAM KHẢO

[1] Thủy NT, Thụy HQ, Hiếu PX, Thành NT. Trí tuệ nhân tạo trong thời đại số: Bối cảnh thế giới và liên hệ với Việt Nam. Công Thương 2018.

[2] Nayyar A, Gadhavi L, Zaman N. Machine learning in healthcare: Review, opportunities and challenges. Machine Learning and the Internet of Medical Things in Healthcare, 2021. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-821229-5.00011-2>.

[3] Edwards F, MacGowan A, Macnaughton E. Antibiotic resistance. Medicine 2021;49:632–7. <https://doi.org/10.1016/j.mpmed.2021.07.006>.

[4] Chokshi A, Sifri Z, Cennimo D, Horng H. Global contributors to antibiotic resistance. J Glob Infect Dis 2019;11. https://doi.org/10.4103/jgid.jgid_110_18.

[5] Hudzicki J. Kirby-Bauer Disk Diffusion Susceptibility Test Protocol Author Information. American Society For Microbiology 2012.

[6] Richland College. Kirby-Bauer Test for Antibiotic Susceptibility. Kirby-Bauer Test for Antibiotic Susceptibility 2011.

[7] Rose DT, Moskhos A, Wibisono A, Reveles KR. Automated Susceptibility Testing With Vitek 2 Compared to MicroScan Reduces Vancomycin Alternative Therapy For Methicillin-Resistant Staphylococcus Aureus Bacteremia. International Journal of Infectious Diseases 2022;117. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2022.02.002>.

[8] Zhou M, Wang Y, Liu C, Kudinha T, Liu X, Luo Y, et al. Comparison of five commonly used automated

susceptibility testing methods for accuracy in the China antimicrobial resistance surveillance system (CARSS) hospitals. *Infect Drug Resist* 2018;11. <https://doi.org/10.2147/IDR.S166790>.

[9] Rhoads DD. Computer vision and artificial intelligence are emerging diagnostic tools for the clinical microbiologist. *J Clin Microbiol* 2020;58. <https://doi.org/10.1128/JCM.00511-20>.

[10] Pascucci M, Royer G, Adamek J, Asmar M Al, Aristizabal D, Blanche L, et al. AI-based mobile application to fight antibiotic resistance. *Nat Commun* 2021;12. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-21187-3>.

[11] Krishnadas P, Chadaga K, Sampathila N, Rao S, Swathi KS, Prabhu S. Classification of Malaria Using Object Detection Models. *Informatics* 2022;9. <https://doi.org/10.3390/informatics9040076>.

[12] Zhao ZQ, Zheng P, Xu ST, Wu X. Object Detection with Deep Learning: A Review. *IEEE Trans Neural Netw Learn Syst* 2019;30. <https://doi.org/10.1109/TNNLS.2018.2876865>.

[13] Bi C, Wang J, Duan Y, Fu B, Kang JR, Shi Y. MobileNet Based Apple Leaf Diseases Identification. *Mobile Networks and Applications* 2022;27. <https://doi.org/10.1007/s11036-020-01640-1>.

[14] Topol EJ. High-performance medicine: the convergence of human and artificial intelligence. *Nature Medicine* 2019 25:1 2019;25:44–56. <https://doi.org/10.1038/s41591-018-0300-7>.

[15] Chun LY, Dolle-Molle L, Bethel C, Dimitroyannis

RC, Williams BL, Schechet SA, et al. Rapid pathogen identification and antimicrobial susceptibility testing in in vitro endophthalmitis with matrix assisted laser desorption-ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry and VITEK 2 without prior culture. *PLoS One* 2019;14. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0227071>.

[16] Baron EJ, D'Souza H, Wang AQ, Gibbs DL. Evaluation of the Biomic V3 Microbiology System for Identification of Selected Species on BBL CHROMagar Orientation Agar and CHROMagar MRSA Medium. *J Clin Microbiol* 2008;46:3488. <https://doi.org/10.1128/JCM.02460-07>.

[17] Nam JG, Park S, Hwang EJ, Lee JH, Jin KN, Lim KY, et al. Development and validation of deep learning-based automatic detection algorithm for malignant pulmonary nodules on chest radiographs. *Radiology* 2019;290:218–28. <https://doi.org/10.1148/RADIOL.2018180237/ASSET/IMAGES/LARGE/RADIOL.2018180237.TBL4.JPEG>.

[18] Liu Y, Kohlberger T, Norouzi M, Dahl GE, Smith JL, Mohtashamian A, et al. Artificial Intelligence–Based Breast Cancer Nodal Metastasis Detection: Insights Into the Black Box for Pathologists. *Arch Pathol Lab Med* 2019;143:859–68. <https://doi.org/10.5858/ARPA.2018-0147-OA>.

[19] Ho CJ, Duong STM, Wang Y, Nguyen CDT, Bui BQ, Truong SQH, et al. An Unsupervised Learning Approach to 3D Rectal MRI Volume Registration. *IEEE Access* 2022;10:87650–60. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2022.3199379>.