



Phân loại bệnh viêm phổi bằng Deep Learning từ chụp X-quang ngực Hình ảnh trong thời kỳ COVID-19

Abdullahi Umar Ibrahim¹ · Mehmet Ozsoz¹ · Sertan Serte² · Fadi Al-Turjman³ · Polycarp Shizawaliyi Yakoi⁴

Đã nhận: ngày 19 tháng 8 năm 2020 / Đã nhận: ngày 21 tháng 10

năm 2020 © Springer Science+Business Media, LLC, một phần của Springer Nature 2021

Tóm tắt

Sự bùng phát của dịch bệnh do vi rút corona mới (COVID-19) vào tháng 12 năm 2019 đã dẫn đến cuộc khủng hoảng toàn cầu trên toàn thế giới. Căn bệnh này đã được Tổ chức Y tế Thế giới (WHO) tuyên bố là đại dịch vào ngày 11 tháng 3 năm 2020. Hiện tại, dịch đã bùng phát tại hơn 200 quốc gia với hơn 37 triệu ca mắc và hơn 1 triệu người tử vong tính đến ngày 10/10.

Tháng 10 năm 2020. Phản ứng chuỗi polymerase phiên mã ngược (RT-PCR) là phương pháp tiêu chuẩn để phát hiện bệnh COVID 19, nhưng nó có nhiều thách thức như dương tính giả, độ nhạy thấp, tốn kém và cần có chuyên gia tiến hành xét nghiệm. Khi số lượng các trường hợp tiếp tục tăng lên, cần phải phát triển một phương pháp sàng lọc nhanh chóng, chính xác, nhanh chóng và rẻ tiền. Hình ảnh chụp X-quang ngực (CXR) có thể được coi là một phương pháp thay thế hoặc phù hợp vì chúng có được nhanh chóng và dễ tiếp cận. Mặc dù tài liệu báo cáo một số cách tiếp cận để phân loại hình ảnh CXR và phát hiện nhiễm trùng COVID-19, nhưng phần lớn các cách tiếp cận này chỉ có thể nhận ra hai loại (ví dụ: COVID-19 so với bình thường). Tuy nhiên, cần có các mô hình được phát triển tốt để có thể phân loại phạm vi hình ảnh CXR rộng hơn thuộc chính loại COVID-19, chẳng hạn như viêm phổi do vi khuẩn, viêm phổi do vi-rút không phải COVID-19 và quét CXR thông thường.

Công trình hiện tại đề xuất sử dụng phương pháp học sâu dựa trên mô hình AlexNet được đào tạo trước để phân loại COVID-19, viêm phổi do vi rút không phải COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và quét CXR thông thường thu được từ các cơ sở dữ liệu công cộng khác nhau. Mô hình được đào tạo để thực hiện phân loại hai chiều (ví dụ: COVID-19 so với bình thường, viêm phổi do vi khuẩn so với bình thường, viêm phổi do vi-rút không phải COVID-19 so với bình thường và COVID-19 so với viêm phổi do vi khuẩn), ba chiều. phân loại (nghĩa là COVID-19 so với viêm phổi do vi khuẩn so với bình thường) và phân loại bốn chiều (tức là COVID-19 so với viêm phổi do vi khuẩn so với viêm phổi do vi rút không phải do COVID-19 so với bình thường). Đối với bệnh viêm phổi do vi rút không phải COVID-19 và hình ảnh CXR bình thường (khỏe mạnh), mô hình đề xuất đạt độ chính xác 94,43%, độ nhạy 98,19% và độ đặc hiệu 95,78%. Đối với viêm phổi do vi khuẩn và hình ảnh CXR bình thường, mô hình đạt độ chính xác 91,43%, độ nhạy 91,94% và độ đặc hiệu 100%. Đối với bệnh viêm phổi COVID-19 và hình ảnh CXR bình thường, mô hình đạt độ chính xác 99,16%, độ nhạy 97,44% và độ đặc hiệu 100%. Đối với hình ảnh CXR phân loại viêm phổi do COVID-19 và viêm phổi do virus không phải do COVID-19, mô hình đạt độ chính xác 99,62%, độ nhạy 90,63% và độ đặc hiệu 99,89%. Đối với phân loại ba chiều, mô hình đạt độ chính xác 94,00%, độ nhạy 91,30% và 84,78%. Cuối cùng, đối với phân loại bốn chiều, mô hình đạt độ chính xác 93,42%, độ nhạy 89,18% và độ đặc hiệu 98,92%.

Từ khóa COVID-19 · Viêm phổi do virus không phải COVID-19 · Viêm phổi do vi khuẩn · AlexNet · Hình ảnh X-quang ngực (CXR)

* Abdullahi Umar Ibrahim
Abdullahi.umaribrahim@neu.edu.tr

Mehmet Ozsoz
mehmet.ozsoz@neu.edu.tr

Sertan Serte
sertan.serte@neu.edu.tr

Fadi Al-Turjman
fadi.alturjman@neu.edu.tr

Polycarp Shizawaliyi Yakoi
ypolycarp@gmail.com

¹ Khoa Kỹ thuật Y sinh, Cận Đông
Đại học, Nicosia, Mersin 10, Thổ Nhĩ Kỳ

² Khoa Điện, Đại học Cận Đông,
Nicosia, Mersin 10, Thổ Nhĩ Kỳ

³ Khoa trí tuệ nhân tạo, Trung tâm nghiên cứu AI và IoT, Đại
học Cận Đông, Nicosia, Mersin 10, Thổ Nhĩ Kỳ

⁴ Khoa Kỹ thuật Máy tính, Síp Quốc tế
Đại học, Nicosia, Mersin 10, Thổ Nhĩ Kỳ

Các từ viết tắt

<small> trí tuệ nhân tạo</small>	trí tuệ nhân tạo
<small> Hội chứng suy giảm hô hấp cấp tính</small>	Hội chứng suy giảm hô hấp cấp tính
BN	chuẩn hóa hàng loạt
<small> MÔ LƯỚI TRAI</small>	Thông tin thu được là viêm phổi
CNN	Mạng thần kinh tích chập
CO2	Khí cacbonic
CHUYỂN ĐỔI	tích chập
CT	Chụp cắt lở
X quang	X-quang ngực
ĐL	Học kĩ càng
FCL	Các lớp được kết nối đầy đủ
fm	Bản đồ đặc trưng
GPU	Đơn vị xử lý đồ họa
HIV/AIDS	Virus gây suy giảm miễn dịch ở người/hội chứng suy giảm miễn dịch mắc phải
ILSVRC	Thử thách nhận dạng hình ảnh quy mô lớn ImageNet
MERS	Hội chứng hô hấp Trung Đông
<small> máy học</small>	học máy
O2	Ôxy
ĐẬP	Truy cập ngẫu nhiên
tái lu	Khối tuyến tính đã chỉnh lưu (ReLU)
RSV	Vi-rút thể hợp bào gây bệnh lý hô hấp
RT-PCR	Phản ứng chuỗi polymerase phiên mã ngược
SAR-CoV-1 và 2	Hội chứng hô hấp cấp tính nặng coronavirus 1 và 2
TL	học chuyển tiếp
AI	Tổ chức Y tế Thế giới

Giới thiệu

Viêm phổi là một bệnh phổ biến do các loài vi sinh vật khác nhau như vi khuẩn, vi rút và nấm gây ra. Từ “Pneumonia” xuất phát từ tiếng Hy Lạp “Pneumon” có nghĩa là phổi. Vì vậy, từ viêm phổi có liên quan đến bệnh phổi. Về mặt y học, viêm phổi là bệnh gây viêm nhiễm một hoặc cả hai bên.

nhu mô phổi [1]. Tuy nhiên, các nguyên nhân khác gây viêm phổi bao gồm hít phải thức ăn và tiếp xúc với hóa chất. Dựa trên nhiễm trùng, viêm phổi xảy ra do viêm nhiễm do mầm bệnh gây ra khiến các phế nang của phổi đầy dịch hoặc mủ và do đó dẫn đến giảm trao đổi khí carbon dioxide (CO2) và oxy (O2) giữa máu và phổi , làm cho người nhiễm bệnh khó thở.

Một số triệu chứng của bệnh viêm phổi bao gồm khó thở, sốt, ho, đau tức ngực. Ngoài ra, đối tượng có nguy cơ mắc bệnh viêm phổi là người già (trên 65 tuổi), trẻ em (dưới 5 tuổi), và người có các biến chứng khác như HIV/AIDS, tiểu đường, hô hấp mãn tính

bệnh tim mạch, ung thư, bệnh gan, v.v. [2-5]. Bảng 1 trình bày phân loại tác nhân gây bệnh viêm phổi.

Chẩn đoán và Điều trị Viêm phổi

Có nhiều cách tiếp cận khác nhau để chẩn đoán bệnh viêm phổi monia, một số cách tiếp cận này bao gồm chụp X-quang ngực và chụp CT (là cơ sở đóng góp của chúng tôi), xét nghiệm đờm, đo oxy trong mạch, chọc dịch màng phổi, phân tích khí máu, nội soi phế quản, dịch màng phổi nuôi cấy, công thức máu toàn phần, v.v. Hầu hết, nhiễm trùng viêm phổi được điều trị dựa trên tác nhân gây bệnh. Đối với viêm phổi do vi khuẩn, thuốc kháng sinh được sử dụng; đối với bệnh viêm phổi do virus như influenzas, SARS và MERS, thuốc kháng vi-rút được sử dụng trong khi thuốc kháng nấm được sử dụng cho bệnh viêm phổi do nấm [6-8].

COVID-19 và Viêm phổi

COVID-19 là một bệnh cực kỳ dễ lây lan gây ra bởi hội chứng hô hấp cấp tính nặng coronavirus 2 (SAR CoV-2) là căn bệnh gần đây được gây ra bởi một trong những thành viên trong gia đình của họ Coronaviridae. Trong quá khứ, hai thành viên của họ này là SARS-CoV-1 và Hội chứng hô hấp Trung Đông Coronavirus (MERS-CoV) đã gây ra đại dịch toàn cầu. Trường hợp đầu tiên của COVID-19 là

Bảng 1 Phân loại viêm phổi theo tác nhân gây bệnh

mầm bệnh	loài
vi khuẩn	Phế cầu khuẩn Legionella pneumophila Mycoplasma viêm phổi Viêm phổi Chlamydomphila
vi-rút	virut cúm Syn hô hấp cấp tính nặng drome coronavirus (SAR-CoV-1 và 2) Hội chứng hô hấp Trung Đông (MERS) Coronavirus Virus hợp bào hô hấp (RSV) Adenovirus vi rút hanta Rhinovirus Vi rút Varicella zoster Metapneumovirus ở người virus đường ruột
nấm	Pneumocystis jirovecii Aspergillus spp. Muconomycetes bệnh nấm Histoplasmosis Coccidioidomycosis mật mã

Tính toán nhận thức

báo cáo tại Vũ Hán, tỉnh Hồ Bắc của Trung Quốc đại lục vào ngày 31 tháng 12 năm 2019. Virus lây lan từ thành phố này sang thành phố khác và từ quốc gia này sang quốc gia khác dẫn đến cuộc khủng hoảng sức khỏe toàn cầu. Tuy nhiên, mãi đến ngày 11 tháng 3 năm 2020, WHO mới tuyên bố đây là đại dịch [8-10].

COVID-19 có thể lây truyền qua các giọt hô hấp do người nhiễm bệnh thở ra hoặc tiết ra. Virut Coro xâm nhập phế nang phổi (cơ quan chịu trách nhiệm trao đổi O2 và CO2) từ đó gây viêm phổi. Các triệu chứng của COVID-19 bao gồm ho khan, mệt mỏi, sốt, sốc nhiễm trùng, suy nội tạng, chán ăn, khó thở, đau cơ, tiết đờm, viêm phổi nặng, hội chứng suy hô hấp cấp tính (ARDS), v.v. [11-14] . Đại dịch do SAR-CoV-2 gây ra đang ở mức đáng báo động do chưa có thuốc hay vắc-xin được phê duyệt [15].

Để hạn chế sự lây lan của vi-rút, chính phủ của nhiều quốc gia và tiểu bang áp đặt lệnh phong tỏa thành phố [56, 57], chống lại việc hủy bỏ, hạn chế biên giới, đóng cửa nơi làm việc, nhà hàng, hoãn các sự kiện thể thao, tôn giáo, văn hóa và giải trí và các hoạt động, đeo khẩu trang, giãn cách xã hội 1-2 m và nâng cao nhận thức về vệ sinh. Nhiều quốc gia đang phải đối mặt với những thách thức liên quan đến số trường hợp được báo cáo về COVID-19 do thiếu bộ xét nghiệm RT-PCR và sự chậm trễ trong việc cung cấp bộ xét nghiệm. Sự chậm trễ này là bất lợi vì nó dẫn đến nhiều trường hợp mắc bệnh hơn do sự tương tác giữa những bệnh nhân bị nhiễm bệnh đang chờ kết quả với một nhóm dân số khỏe mạnh [16, 17].

SARS-CoV1 và MERS-CoV

Đại dịch đầu tiên của họ coronavirus bắt đầu ở Đông Nam Trung Quốc và Hồng Kông vào năm 2002 do phát hiện ra loại vi rút gây bệnh có tên là SARS-CoV-1. Bệnh lây lan toàn cầu do bệnh nhân di chuyển bằng máy bay từ nước này sang nước khác dẫn đến đại dịch SARS. Theo WHO 2004, hơn 8000 trường hợp xác nhận nhiễm SARS-CoV và 774 trường hợp tử vong liên quan đã được xác định.

được ghi nhận trên toàn cầu. Dịch bệnh bùng phát đã gây ra gánh nặng cho cả cộng đồng và kinh tế với thiệt hại ước tính lên tới hàng tỷ đô la.

las [18]. Đại dịch coronavirus lần thứ hai do β-CoVs gây ra vào năm 2012 tại Ả Rập Saudi; không giống như SARS-CoV, MERS do MERS-CoV gây ra, được xác định đầu tiên trong mẫu đờm bệnh nhân của một người đàn ông Ả Rập Saudi 60 tuổi.

Theo báo cáo của WHO, đã có hơn 1850 ca mắc MERS-CoV với tỷ lệ tử vong là 30% [19].

Và cho đến tháng 11 năm 2019, đã có gần 2500 trường hợp mắc MERS-CoV dẫn đến 858 trường hợp tử vong.

Xác định Thuốc, Phát triển Vắc xin và Dự đoán COVID-19 bằng Mô hình do AI điều khiển

Hiện tại, không có cách chữa trị chính xác cho bệnh COVID-19. Tuy nhiên, các nhà khoa học đang chạy nước rút để phát triển một loại vắc-xin

là cách hiệu quả nhất để ngăn chặn và ngăn chặn sự lây lan của virus. Có nhiều công nghệ đang được đánh giá như virus bất hoạt, tiểu đơn vị protein, axit nucleic, vectơ virus sao chép và không sao chép.

Để đẩy nhanh quá trình, nhà khoa học phải vượt qua rất nhiều thách thức bao gồm phát triển một loại miễn dịch khả thi, phát triển mô hình động vật thành công, thử nghiệm lâm sàng, đột biến virus, hạn chế về thời gian và kinh phí [20, 21] . Gần đây, Nga đã phê duyệt một loại vắc xin dựa trên vec tơ adenovirus do Trung tâm Dịch tễ học và Vi sinh vật Quốc gia Gamaleya ở Mátxcơva phát triển. Tuy nhiên, các nhà khoa học trên khắp thế giới đã chỉ trích hiệu quả của vắc xin, các giai đoạn mà nó trải qua và việc thiếu các kết quả được công bố liên quan đến các giai đoạn thử nghiệm trước đó [22].

Ngoài vắc-xin, các công ty và phòng thí nghiệm khác nhau đang tiến hành nghiên cứu về việc tái sử dụng các loại thuốc chống vi-rút hiện có như remdesivir, ritonavir và lopinavir. Để tạo ra các loại thuốc tiềm năng chống lại COVID-19, nhà khoa học đã chuyển sang phương pháp tiếp cận trí tuệ nhân tạo và máy học để xác định hiệu quả các loại thuốc mạnh. Một nghiên cứu được thực hiện bởi Beck et al. [23] bằng cách sử dụng mô hình học sâu được đào tạo trước đã xác định “Atazanavir” một loại thuốc kháng vi-rút được sử dụng để phòng ngừa HIV là loại thuốc COVID-19 tiềm năng trong số tất cả các loại thuốc kháng vi-rút có bán trên thị trường.

Mặt khác, Li et al. [24] đã xác định Nelfnavir, Bict egravir, Tegobuv và Prulifoxacin là các loại thuốc tiềm năng cho COVID-19 sau khi sàng lọc 8000 phân tử và hợp chất thử nghiệm và đã được phê duyệt thu được từ Ngân hàng Dược phẩm.

Các chuyên gia y tế (ví dụ: nhà dịch tễ học) đang phải đối mặt với những thách thức như thu thập dữ liệu chính xác, phân tích và ước tính chính xác cũng như dự báo số ca mắc liên quan đến đại dịch và dịch bệnh. Gần đây, các mô hình do AI điều khiển đã được chứng minh là có giá trị về mặt dự đoán và phân loại dữ liệu y tế. Kể từ khi COVID-19 bùng phát, các nhà phân tích dữ liệu và bác sĩ y khoa đã áp dụng việc sử dụng các mô hình AI để dự đoán và dự đoán các trường hợp COVID-19 [25]. Công ty đầu tiên báo cáo việc sử dụng AI để dự đoán COVID-19 và gửi cảnh báo cho khách hàng của mình trước năm 2020 là công ty dựa trên AI BlueDot.

Tuy nhiên, các nhà khoa học khác đã báo cáo việc sử dụng các mô hình AI như việc sử dụng các phương pháp không có mô hình của Zeng et al. [26] để dự đoán về sự lây truyền COVID 19 giữa các tỉnh ở Trung Quốc đại lục. Hu et al. [27] đã sử dụng các phương pháp do AI điều khiển để dự báo thời gian thực về đợt bùng phát COVID-19 ở Trung Quốc dựa trên độ dài, ước tính kích thước và thời điểm kết thúc đợt bùng phát dựa trên dữ liệu thu được từ WHO (được thu thập từ ngày 19 tháng 1 năm 2020 đến ngày 16 tháng 2 năm 2020) .

Học sâu và Học chuyển giao

Học sâu (DL) là một nhánh của học máy (ML), một tập hợp con của trí tuệ nhân tạo (AI) lấy cảm hứng từ cấu tạo của bộ não con người. Nó được gọi là một sub-feld của ML

hoạt động tương tự như sinh học của bộ não con người bằng cách lấy dữ liệu và xử lý dữ liệu thông qua mạng lưới thần kinh. Nhiều vấn đề sức khỏe y sinh như phát hiện ung thư (khối u não và ung thư vú) đang sử dụng chẩn đoán có sự trợ giúp của máy tính dựa trên các mô hình AI. Chính xác, các mô hình DL có thể phát hiện các đặc điểm ẩn trong hình ảnh mà các chuyên gia y tế không thấy rõ hoặc không thể phát hiện được. Về mặt DL, mạng thần kinh tích chập (CNN) là công cụ DL hàng đầu được sử dụng phổ biến trong các lĩnh vực con khác nhau của hệ thống chăm sóc sức khỏe do khả năng trích xuất các tính năng và học cách phân biệt giữa các lớp khác nhau (nghĩa là tích cực và tiêu cực, bị nhiễm bệnh và khỏe mạnh, ung thư và không ung thư, v.v.). Học chuyển đổi (TL) đã cung cấp cách tiếp cận dễ dàng hơn để nhanh chóng đào tạo lại các mạng thần kinh trên các bộ dữ liệu được chọn với độ chính xác cao [28, 29].

AlexNet

Mô hình AlexNet là một mô hình DL được đề xuất bởi Alex Krizhevsky, sử dụng đơn vị tuyến tính được chỉnh lưu (ReLU) thay cho hàm Sigmoid được sử dụng trong các mạng thần kinh truyền thống [58]. Mô hình đạt được độ chính xác 84% trong Thử thách nhận dạng hình ảnh quy mô lớn ImageNet (ILSVRC) năm 2012. Nó chứa năm khối chập (CONV) hoặc lớp có kích thước bộ lọc tích chập 3x3 không có phần đệm và kích thước cửa sổ 2x2 của hoạt động tổng hợp tối đa. Ba lớp cuối cùng là hai lớp được kết nối đầy đủ (FCL) và lớp đầu ra như trong Hình 1. Các thuật ngữ khác bao gồm chuẩn hóa hàng loạt (BN) và bản đồ tính năng (FM). Chức năng kích hoạt SoftMax được sử dụng trong lớp đầu ra để phân loại [30, 31].

Kích thước đầu vào tiêu chuẩn cho mô hình AlexNet là 227x227x3. Mô hình bao gồm tổng thể tám lớp, năm lớp là lớp tích chập và ba lớp được kết nối đầy đủ. Hai lớp tích chập đầu tiên được tạo thành từ ba thao tác, bao gồm tích chập, tổng hợp và không sai lệch. AlexNet sử dụng ReLU làm chức năng kích hoạt, không giống như các hàm Tanh và sigmoid được sử dụng trong học máy truyền thống. ReLU chuyển đổi số âm thành số không và giúp các mô hình tìm hiểu các hàm phi tuyến tính [30].

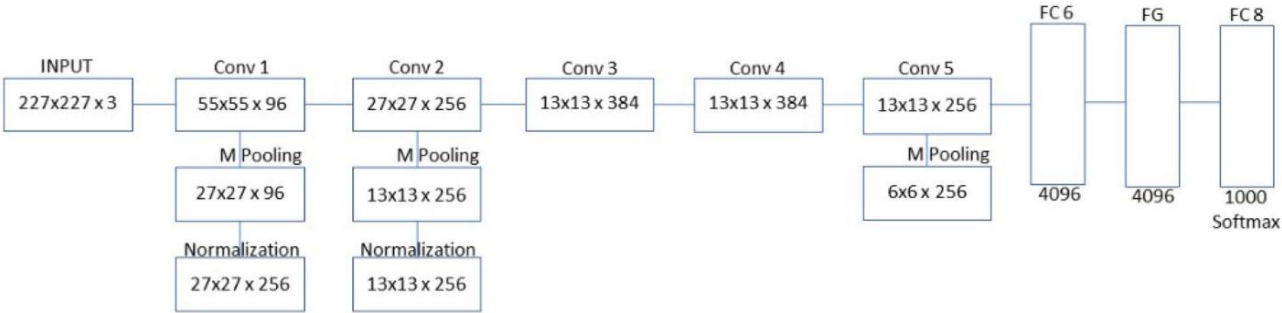
Max pooling là phương pháp gộp phổ biến nhất trong đó chức năng chính của nó là giảm mẫu hoặc giảm kích thước hình ảnh bằng cách gộp đặc điểm quan trọng nhất hoặc bằng cách gộp số có giá trị pixel cao nhất. Hai lớp tiếp theo chủ yếu là các lớp chập mà không gộp và chuẩn hóa và lớp tích chập cuối cùng chỉ bao gồm tích chập và gộp mà không chuẩn hóa. Hai lớp được kết nối đầy đủ đầu tiên là các lớp bỏ học trong đó chức năng chính của nó là giảm overfitting bằng cách giảm số lượng tế bào thần kinh. Lớp được kết nối đầy đủ cuối cùng được gọi là lớp phân loại [32].

thử thách

Khi số lượng bệnh nhân COVID-19 tăng theo cấp số nhân, nhu cầu phát hiện trên diện rộng là rất cao, điều này rất quan trọng để phòng ngừa và kiểm soát. Các bác sĩ trên toàn thế giới cần một hệ thống tinh vi để chẩn đoán chính xác bệnh COVID-19. Các phương pháp khác nhau hiện đang được sử dụng để phát hiện các loại viêm phổi khác nhau. Tuy nhiên, việc phát hiện các chủng mầm bệnh khác nhau bằng xét nghiệm phân tử vẫn chưa đạt tiêu chuẩn chẩn đoán tại chỗ.

Thay vào đó, các mẫu bệnh phẩm được thu thập từ vị trí nhiễm trùng và chuyển đến phòng thí nghiệm chuyên biệt hoặc được trang bị đầy đủ để chẩn đoán bằng cách sử dụng phương pháp giải trình tự RT-PCR, đây là tiêu chuẩn vàng hiện nay [33]. Phương pháp này được coi là tốn kém và thường dẫn đến kết quả sai. Hơn nữa, các quốc gia kém phát triển và vùng sâu vùng xa với bộ dụng cụ xét nghiệm hạn chế và các bệnh viện thiếu trang thiết bị với số lượng máy thử ít hoặc bằng không đã trở thành tâm điểm của dịch bệnh. Vì vậy, có một nhu cầu cao để phát triển một phương pháp thay thế nhanh, rẻ, đơn giản và đáng tin cậy. Việc sử dụng tia X đã được chứng minh là một giải pháp thay thế; tuy nhiên, phương pháp này đôi khi gây khó khăn cho bác sĩ X quang đủ tiêu chuẩn [34]. Những thách thức này có thể được giải quyết bằng phương pháp phát hiện có sự trợ giúp của máy tính bằng cách sử dụng phương pháp DL, chính xác, nhanh chóng và chính xác.

Phần lớn các nghiên cứu trong tài liệu chỉ phân loại hai loại (chẳng hạn như COVID-19 so với bình thường). Tuy nhiên, ít nghiên cứu đề cập đến đa lớp và phân loại từng lớp



Hình 1 Kiến trúc AlexNet

Tính toán nhận thức

Đến từ một nơi khác. Hơn nữa, các bài báo hiện tại ở trạng thái tiên tiến nhất chỉ đề cập đến phân loại ba chiều. Trong bài viết này, chúng tôi trình bày cách phân loại theo bốn cách (ba loại viêm phổi và hình ảnh X-quang phổi bình thường). Chúng tôi cũng so sánh từng loại với loại khác cũng bị thiếu trong phần lớn tài liệu.

Sự đóng góp

Theo đó, những đóng góp của chúng tôi đã được tóm tắt như sau.

- Chúng tôi đề xuất sử dụng Pretraining (học chuyển tiếp) Mô hình AlexNet để phát hiện viêm phổi COVID-19 viêm phổi không do virus COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và bệnh nhân bình thường/khỏe mạnh sử dụng hình ảnh CXR. • Chúng tôi huấn luyện riêng các mô hình để phân biệt giữa:
 - Viêm phổi do COVID-19 so với bệnh nhân bình thường/khỏe mạnh • Viêm phổi do virus không phải do COVID-19 so với người bình thường/khỏe mạnh bệnh nhân
 - Viêm phổi do vi khuẩn so với bệnh nhân bình thường/khỏe mạnh
 - Viêm phổi do COVID-19 so với bệnh nhân viêm phổi do vi rút không phải do COVID-19 • Viêm phổi do vi rút COVID-19 so với viêm phổi do vi khuẩn so với bệnh nhân bình thường/khỏe mạnh • Viêm phổi do COVID-19 so với bệnh nhân viêm phổi do vi rút không phải do COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn, và bệnh nhân bình thường/khỏe mạnh
- Chúng tôi đã đánh giá hiệu suất của mạng dựa trên độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu.

Công việc có liên quan

Thập kỷ vừa qua đã chứng kiến sự gia tăng theo cấp số nhân trong việc áp dụng DL trong hệ thống chăm sóc sức khỏe. Các nghiên cứu khác nhau đã chỉ ra rằng các mô hình DL có thể được sử dụng để phân loại hình ảnh bệnh lý ung thư, bệnh lý võng mạc tiểu đường, chụp CT viêm phổi, bệnh lao cũng như hình ảnh phôi thai vi khuẩn. Trong lĩnh vực bệnh học, nhà nghiên cứu bệnh học, nhà khoa học máy tính và bác sĩ X-quang đã làm việc cùng nhau để phát hiện các bệnh như ung thư, viêm phổi và bệnh lao bằng cách sử dụng chẩn đoán có sự trợ giúp của máy tính [35-37] .

Về việc áp dụng các mô hình DL để phát hiện viêm phổi bằng cách sử dụng hình ảnh chụp CT và X-quang, chúng tôi đã trình bày một tổng quan tài liệu dựa trên các nghiên cứu:

1. Phân loại/phân biệt giữa COVID-19, viêm phổi do vi-rút không phải COVID-19 và hình ảnh CXR khỏe mạnh hoặc giữa COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và hình ảnh lành mạnh (nghĩa là phân loại bốn chiều và ba chiều).

2. Phân loại/phân biệt giữa viêm phổi do vi rút COVID-19 và không phải do COVID-19, hình ảnh chụp X-quang phổi do COVID-19 và người khỏe mạnh, viêm phổi do vi rút không phải do COVID-19 và hình ảnh chụp X-quang phổi lành tính, viêm phổi do vi khuẩn và hình ảnh chụp X-quang phổi lành tính (nghĩa là phân loại nhị phân).

Quét ngực dựa trên chụp X-quang hoặc CT scan ngực là một phương pháp mà bác sĩ X-quang sử dụng để phân biệt giữa bệnh nhân bị viêm phổi và người khỏe mạnh. Sự khác biệt dựa trên sự hiện diện của các mảng mờ màu trắng được gọi là “độ mờ kính mờ” ở bệnh nhân bị nhiễm bệnh mà không có ở người khỏe mạnh. Tuy nhiên, do khan hiếm xét nghiệm chẩn đoán COVID-19 cũng như chi phí cao (120-130 USD), tốn thời gian, độ nhạy thấp, tốn nhiều công sức của phương pháp RT-PCR, các nhà khoa học đã chuyển sang phương pháp chụp cắt lớp vi tính lồng ngực như chụp CT và X- -chụp tia như một phương pháp thay thế để chẩn đoán viêm phổi nặng do SAR-CoV-2 và viêm phổi do vi khuẩn [38]. Hơn nữa, cách tiếp cận này có những thách thức riêng như thiếu chuyên gia (tức là bác sĩ X-quang) có thể giải thích kết quả và sự tẻ nhạt của việc giải thích hàng ngàn hình ảnh CT scan và CXR. Những thách thức này được giải quyết bằng các mô hình do AI điều khiển đã cho thấy hiệu quả cao trong việc hỗ trợ chuyên gia y tế phân loại và dự đoán bệnh [39, 40] .

Nhiều nghiên cứu đã báo cáo việc sử dụng chụp CXR và CT cùng với các mô hình DL để đạt được khả năng phát hiện tự động bệnh viêm phổi do COVID-19 và các loại bệnh viêm phổi khác như viêm phổi do vi-rút không phải do COVID-19 và viêm phổi do vi khuẩn. Hơn nữa, nhiều nghiên cứu đã chỉ ra tính khả thi của việc sử dụng các mô hình TL là các mạng lưới sâu được đào tạo trước trên cơ sở dữ liệu ImageNet để phân loại bệnh viêm phổi từ các lần chụp CT khỏe mạnh [41-43] .

Phân loại bệnh viêm phổi đa lớp bằng AI-Driven người mẫu

Cách tiếp cận của TL trong DL được sử dụng bởi Chowdhury et al. [17] để phân biệt giữa COVID-19 và bệnh viêm phổi do vi-rút dựa trên bộ dữ liệu có được từ cơ sở dữ liệu công cộng. Các mô hình đã được đào tạo bằng cách sử dụng 423 COVID 19, 1458 bệnh viêm phổi do vi-rút và 1579 hình ảnh X-quang ngực bình thường dựa trên (i) tăng cường và (ii) không tăng cường. Các mô hình đạt được độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu cao hơn. Một CNN đa giãn nở được sử dụng bởi Mahmud et al. [44] để phân loại COVID-19 và các loại viêm phổi khác. Nghiên cứu đã sử dụng CNN sâu dưới dạng COVXNet với các sửa đổi dựa trên các tỷ lệ giãn nở khác nhau để trích xuất tính năng, tối ưu hóa, thuật toán xếp chồng và bản địa hóa phân biệt đối xử dựa trên độ dốc để huấn luyện bộ dữ liệu chứa 1493 bệnh viêm phổi do vi rút không phải COVID-19, 305 bệnh viêm phổi do COVID-19 , và 2780 vi khuẩn viêm phổi. Mô hình đạt độ chính xác 97,4%

Tính toán nhận thức

Bảng 2 Phát hiện các loại viêm phổi khác nhau (đa lớp) bằng các công cụ do AI điều khiển			
Tham khảo	Loại viêm phổi	tập dữ liệu	Kết quả
[45]	COVID-19 và mắc phải trong cộng đồng viêm phổi (CAP)	4352 lần quét CT (1292 của COVID-19, 1735 của CAP và 1325 lần quét CT bình thường)	Các mô hình đạt được 90% SV và 96% SF để phát hiện COVID-19 và 87% SV và 92% SF để phát hiện CAP
[17]	VP COVID-19 và không phải COVID-19	423 COVID-19, 1458 viêm phổi do vi-rút và 1579 hình ảnh X-quang ngực bình thường	Các mô hình đạt độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu cao hơn
[44]	COVID-19, không phải COVID-19 VP, BP	viêm phổi do vi-rút không phải COVID-19, 305 viêm phổi COVID-19, 2780 viêm phổi do vi khuẩn	Mô hình đạt được 97,4% AC đối với COVID 19 so với bình thường, 96,9% đối với COVID-19 so với VP không phải COVID-19, 94,7% đối với COVID-19 so với BP và 90% đối với đa lớp Mô hình đạt Ac
[48]	VP và BP không phải COVID-19 (các chủng không được chỉ định)	5856 chụp X-quang ngực	chính xác 96,2% đối với BP và 93,6% đối với VP không phải COVID-19

Độ chính xác Ac , viêm phổi do vi khuẩn BP , độ nhạy Sv , độ đặc hiệu của Sf , viêm phổi do virus VP

đối với COVID-19 so với bình thường, 96,9% đối với viêm phổi do vi-rút COVID-19 so với không phải COVID-19, 94,7% đối với COVID-19 so với viêm phổi do vi khuẩn và 90% đối với đa lớp. Để cho thấy sự khác biệt giữa COVID-19

và viêm phổi mắc phải tại cộng đồng (CAP), Li et al. [45] đã sử dụng khung DL ba chiều được gọi là mạng thần kinh phát hiện COVID-19 (COVNet) bằng cách sử dụng 4352 lần quét CT (1292 của COVID-19, 1735 của CAP và 1325 lần quét CT thông thường). Các mô hình đạt được độ nhạy 90% và độ đặc hiệu 96% để phát hiện COVID-19 và độ nhạy 87% và độ đặc hiệu 92% để phát hiện CAP.

Apostolopoulos et al. [41] đã sử dụng phương pháp TL trên các tập dữ liệu chứa 1427 hình ảnh X-quang (504 hình ảnh X-quang thông thường, 700 hình ảnh viêm phổi do vi khuẩn và 224 hình ảnh X-quang COVID-19). Mô hình có thể đạt được độ chính xác 96,78%, độ đặc hiệu 96,46% và độ nhạy 98,66%.

Phân loại COVID-19 và X-quang thông thường
Hình ảnh sử dụng mô hình điều khiển bằng AI

Abbas và cộng sự. [46] đã sử dụng mô hình CNN có tên là Tư thế phân rã, Chuyển giao và Soạn thảo (DeTraC) để phân loại COVID-19 bằng cách sử dụng hình ảnh X-quang ngực. Nghiên cứu đã sử dụng nhiều bộ dữ liệu thu được từ các bệnh viện khác nhau trên khắp thế giới. Mô hình đạt độ chính xác 95,12%, độ nhạy 97,91% và độ đặc hiệu 91,87%. Hai mô hình sâu hơn được sử dụng bởi Narin et al. [42] để phân loại COVID-19 và CXR thông thường

hình ảnh thu được từ phạm vi công cộng. Nghiên cứu sử dụng 100 hình ảnh (50:50) và các mô hình đạt được độ chính xác 97% cho InceptionV3 và 87% cho Inception ResNetV2). Hơn nữa, một mô hình học tập di chuyển ban đầu được sử dụng bởi Wang et al. [47] để phân loại

Bảng 3 Phân loại hình ảnh CXR (hai lớp) bằng các mô hình do AI điều khiển			
Tham khảo	Loại viêm phổi	tập dữ liệu	Kết quả
[42]	COVID-19	50 hình ảnh COVID-19 và 50 hình ảnh CXR bình thường	Các mô hình đạt độ chính xác 97% cho InceptionV3 và độ chính xác 87% cho Inception-ResNetV2
[49]	VP không phải COVID-19 (chủng không xác định)	5856 Hình ảnh X-quang	Mô hình đạt Ac trung bình là 94,81% cho đào tạo và 93,01% cho xác nhận
[50]	VP không phải COVID-19	453 hình ảnh quét CT	Các mô hình đạt được AC xác thực là 82,9%, SV là 84% và SF là 80,5%, AC thử nghiệm là 73,1%, SV là 74% và SF là 67%
[51]	VP không phải COVID-19	5863 Hình ảnh X-quang ngực	Mô hình đạt AC là 95,30%
[52]	VP (COVID-19, Influenza-A)	618 ảnh chụp CT 185	Mô hình đạt AC là 86,7%
[46]	COVID-19	ảnh CXR bình thường và 11 ảnh COVID 19	Mô hình đạt độ chính xác 95,12%, độ nhạy 97,91% và độ đặc hiệu 91,87%.
[47]	COVID-19	453 hình ảnh CXR COVID-19	Mô hình đạt độ chính xác thử nghiệm bên ngoài là 73,1%, độ nhạy 74% và độ đặc hiệu 67%

Độ chính xác Ac , độ nhạy Sv , độ đặc hiệu Sf , viêm phổi do vi khuẩn BP , viêm phổi do virus VP

Bảng kích thước đầy đủ	
Loại tập dữ liệu	Số tập dữ liệu
Viêm phổi do COVID-19 Viêm	371
phổi do virus không phải do COVID-19	4237
Viêm phổi do vi khuẩn Khỏe mạnh (nghĩa là bình thường)	4078
	2882

trong số 453 trường hợp được xác nhận mắc COVID-19 với bệnh viêm phổi điển hình được chẩn đoán trước đó. Mô hình đạt được độ chính xác kiểm tra bên ngoài là 73,1%, độ nhạy 74% và độ đặc hiệu 67%.

Tóm tắt về ứng dụng của AI để phát hiện bệnh viêm phổi như COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn, viêm phổi không do virus COVID-19 và hình ảnh X-quang thông thường được trình bày trong Bảng 2 và 3 dựa trên phân loại nhị phân và đa lớp tương ứng (xem Bảng 4).

phương pháp Luận

Trong phần này, chúng tôi đã trình bày các thủ tục tiếp cận được đề xuất và các giả định chính của nó. Quy trình làm việc của phương pháp đề xuất được thể hiện dưới dạng sơ đồ trong Hình 2. Hình ảnh CXR được sử dụng để đào tạo mạng bằng cách sử dụng mô hình AlexNet được đào tạo trước để phân loại (i) COVID 19 và quét CXR bình thường (khỏe mạnh), (ii) quét CXR do vi khuẩn và bình thường, (iii) viêm phổi do vi-rút và quét CXR thông thường, (iv) COVID-19 và chụp X quang vi khuẩn, (v) COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và chụp X quang thông thường, và (vi) COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn, viêm phổi do vi rút và chụp X quang thông thường. TL trên các mô hình DL đã cho thấy hoạt động hiệu quả ngay cả với một lượng nhỏ tập dữ liệu so với các mô hình DL được xây dựng từ đầu vốn yêu cầu một lượng lớn tập dữ liệu để đạt được hiệu suất tối ưu [53].

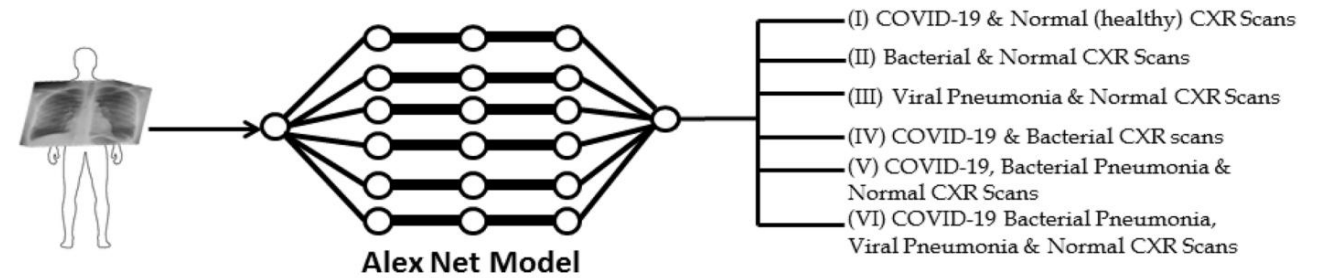
tập dữ liệu

Mặc dù có hơn 30 triệu trường hợp được xác nhận mắc COVID-19 trên toàn cầu, số lượng hình ảnh chụp CT có sẵn trực tuyến là rất ít và hạn chế. Như được hiển thị trong Hình 3, chúng tôi đã thu được hình ảnh viêm phổi do COVID-19, viêm phổi do vi-rút không phải do COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và hình ảnh CXR bình thường từ trang web sau:

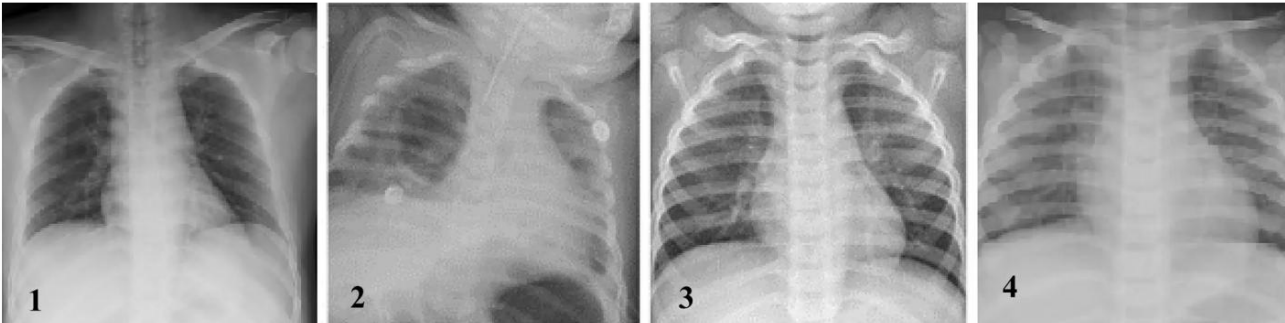
- 1. 153 hình ảnh từ GitHub (<https://github.com/ieee8023/covid-chestxray-dataset>)
- 2. 219 hình ảnh từ Kaggle (<https://www.kaggle.com/tawsifurrahman/covid19-radiography-database>). Chúng tôi đã xóa 1 hình ảnh do độ tương phản thấp, tạo nên tổng số hình ảnh là 371. Chúng tôi cũng thu được 1341 hình ảnh X-quang bình thường, 1345 hình ảnh viêm phổi do vi-rút không phải COVID-19
- 3. 1341 hình ảnh viêm phổi thông thường, không phải do vi-rút COVID-19, 4274 vi khuẩn viêm phổi từ <https://www.kaggle.com/sudalairijkumar/novel-corona-virus-2019-dataset>
- 4. Chúng tôi đã thu được hình ảnh CXR do Kermany et al. [54]. Bộ dữ liệu chứa ba thư mục (đào tạo, xác nhận và thử nghiệm với tổng số 5856 trường hợp tích cực và tiêu cực). Trong mỗi thư mục có một thư mục con có tên là pneumonia và thư mục bình thường. Mô tả bộ dữ liệu dựa trên các hình ảnh X-quang được thu thập từ các bệnh nhi hồi cứu trong độ tuổi từ 1 đến 5. Số lượng mỗi hình ảnh CXR được sử dụng được trình bày trong Bảng 4.

đào tạo người mẫu

Để đào tạo bộ dữ liệu, chúng tôi sử dụng Matlab được cài đặt trên máy tính cá nhân với cửa sổ 64 bit, Bộ nhớ truy cập ngẫu nhiên (RAM) 8 GB, với Intel® Core i7-3537U và Bộ xử lý đồ họa (GPU). 70% bộ dữ liệu được sử dụng để đào tạo và 30% để kiểm tra (đánh giá hiệu suất của mô hình) như trong Bảng 5. Mô hình AlexNet được đào tạo trước được sử dụng do độ chính xác cao của nó trong



Hình 2 Quy trình làm việc hoàn chỉnh của phương pháp được đề xuất



Hình 3 Quét CXR. 1 COVID-19, 2 viêm phổi do virus không phải COVID 19, 3 chụp X quang bình thường, 4 viêm phổi do vi khuẩn

thực hiện trích xuất đặc trưng và phân loại ảnh. Đối với cài đặt mặc định dựa trên độ dốc ngẫu nhiên giảm dần theo động lượng, số lượng kỷ nguyên đã được đặt tối đa là 20 với tốc độ học ban đầu là 0,0001 theo [59].

Ma trận đánh giá và nhầm lẫn

Để đánh giá hiệu suất của các mô hình được đào tạo, ba tham số được xem xét: độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu. Độ chính xác được gọi là tỷ lệ hình ảnh được phân loại chính xác trên tổng số hình ảnh; nó còn được gọi là tổng của độ nhạy và độ đặc hiệu. Để đánh giá độ chính xác và mất mát của một mô hình, các công thức sau đây được sử dụng:

Tổn thất = $\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \log PC$ (1)

Độ chính xác = $\frac{C}{N}$ (2)

Ma trận nhầm lẫn là cách tiếp cận phổ biến được sử dụng để đánh giá hiệu suất của mô hình dựa trên dương tính thực (TP), âm tính thực (TN), dương tính giả (FP) và âm tính giả (FN). TP là số lượng mẫu được mô hình xác định chính xác là trường hợp dương tính hoặc số trường hợp thực sự dương tính (tức là viêm phổi) theo từng mô hình. TN là số mẫu được mô hình xác định chính xác là trường hợp âm tính hoặc số trường hợp thực sự khỏe mạnh (bình thường) và được phân loại là âm tính theo từng mô hình. FP là số mẫu được phân loại không chính xác là âm tính theo mô hình hoặc số trường hợp thực sự âm tính (bình thường hoặc khỏe mạnh) nhưng được phân loại là dương tính (viêm phổi) theo từng mô hình. FN là số mẫu được phân loại không chính xác là dương tính (viêm phổi) theo mô hình hoặc số trường hợp thực sự dương tính nhưng được phân loại là bình thường hoặc khỏe mạnh theo từng mô hình như trong Bảng 6.

Tỷ lệ dương tính thực (độ nhạy) là tỷ lệ mẫu hình ảnh dương tính được xác định chính xác là mẫu dương tính (nghĩa là tỷ lệ phần trăm mẫu dương tính được xác định chính xác là dương tính).

Bảng 5 Sự phân chia tập dữ liệu

Người mẫu	Đào tạo 70%		Thử nghiệm (30%)	
VP không nhiễm COVID-19 và khỏe mạnh	VP không phải COVID 19	Khỏe mạnh	VP không phải COVID 19	Khỏe mạnh
	2966	2017	1271	965
HA và khỏe mạnh	vi khuẩn	Khỏe mạnh	vi khuẩn	Khỏe mạnh
	2853	2017	1225	965
COVID-19 và khỏe mạnh	COVID-19	Khỏe mạnh	COVID-19	Khỏe mạnh
	260	2017	111	965
COVID-19 và không Phó chủ tịch COVID-19	COVID-19	VP không phải COVID-19	COVID-19	VP không phải COVID-19
	260	2966	111	1271
COVID-19, HA và sức khỏe	COVID-19	BP khỏe mạnh	COVID-19	BP khỏe mạnh
	260	2853 2017	111	1225 965
COVID-19, không COVID-19 VP, BP và khỏe mạnh	COVID-19	BP Không COVID-19 VP Khỏe mạnh	COVID-19	BP Không COVID-19 VP Khỏe mạnh
	260	2853 2966 2017	111	1225 1271 965

Viêm phổi do vi khuẩn BP , viêm phổi do vi rút VP

Tính toán nhận thức

Bảng 6 Ma trận nhầm lẫn

Thật sự			
Dự đoán	Dương tính thật (+) Âm tính giả (-)		
	Tích cực đúng Đúng+	Sai+	
	Phủ định sai Sai	Đúng	

Độ nhạy = $\frac{TP}{TP + FN}$ (3)

Tỷ lệ dương tính giả (FPR) còn được gọi là độ đặc hiệu là tỷ lệ mẫu dương tính được xác định không chính xác là mẫu dương tính (nghĩa là tỷ lệ phần trăm mẫu âm tính được xác định không chính xác là mẫu dương tính).

Độ đặc hiệu = $\frac{TN}{TN + FP}$ (4)

Đánh giá hiệu suất

Phân loại nhị phân giữa COVID-19 so với hình ảnh CXR khỏe mạnh, COVID-19 so với viêm phổi do vi rút không phải COVID-19, viêm phổi do vi rút không phải do COVID-19 so với hình ảnh CXR khỏe mạnh, viêm phổi do vi khuẩn so với hình ảnh CXR khỏe mạnh, phân loại ba chiều (COVID-19 so với viêm phổi do vi khuẩn và hình ảnh chụp X quang phổi khỏe mạnh) và phân loại bốn chiều (viêm phổi do vi rút COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn, viêm phổi do vi rút không phải do COVID-19 và chụp X quang phổi khỏe mạnh) được trình bày trong Bảng 7 và Hình 4 . Ngoài ra, so sánh giữa một số phương pháp tiên tiến nhất với các mô hình của chúng tôi được trình bày trong Bảng 8 và 9.

Kết quả

Các bộ dữ liệu được chia thành hai: 70% được sử dụng trong đào tạo và 30% được sử dụng để thử nghiệm. Hiệu suất của các mô hình được đánh giá dựa trên độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu của thử nghiệm. Ban đầu, một nghiên cứu thí điểm đã được thực hiện bằng cách sử dụng 371 CXR

từng hình ảnh cho COVID-19, không phải COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và hình ảnh khỏe mạnh. Chúng tôi thu được độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu thấp do số lượng bộ dữ liệu thấp. Chúng tôi đã thực hiện nghiên cứu này để phân tích tính tuyến tính của tập dữ liệu bằng cách sử dụng cùng một lượng tập dữ liệu thử nghiệm và đào tạo do thực tế là chúng tôi chỉ có 371 hình ảnh CXR COVID-19. Trước khi chúng tôi tiến hành phân loại nhiều lớp, chúng tôi đã huấn luyện từng loại viêm phổi bằng các hình ảnh CXR khỏe mạnh (không viêm phổi hoặc không nhiễm trùng). Đối với bệnh viêm phổi do vi-rút không phải do COVID-19 và bộ dữ liệu về sức khỏe, chúng tôi đã đạt được độ chính xác của xét nghiệm là 94,43%, độ nhạy 98,19% và độ đặc hiệu 95,78%. Về bệnh viêm phổi do vi khuẩn và bộ dữ liệu lành mạnh, chúng tôi đạt được độ chính xác xét nghiệm 91,43%, độ nhạy 91,94% và độ đặc hiệu 100%.

Điều này cho thấy mô hình đã học cách phân loại chính xác hình ảnh âm tính (không nhiễm trùng/khỏe mạnh) so với hình ảnh CXR dương tính (viêm phổi do vi khuẩn). Hơn nữa, phần lớn các nghiên cứu gần đây tập trung vào bệnh viêm phổi do COVID-19 và bộ dữ liệu CXR không bị nhiễm bệnh. Mô hình của chúng tôi được đào tạo dựa trên bệnh viêm phổi

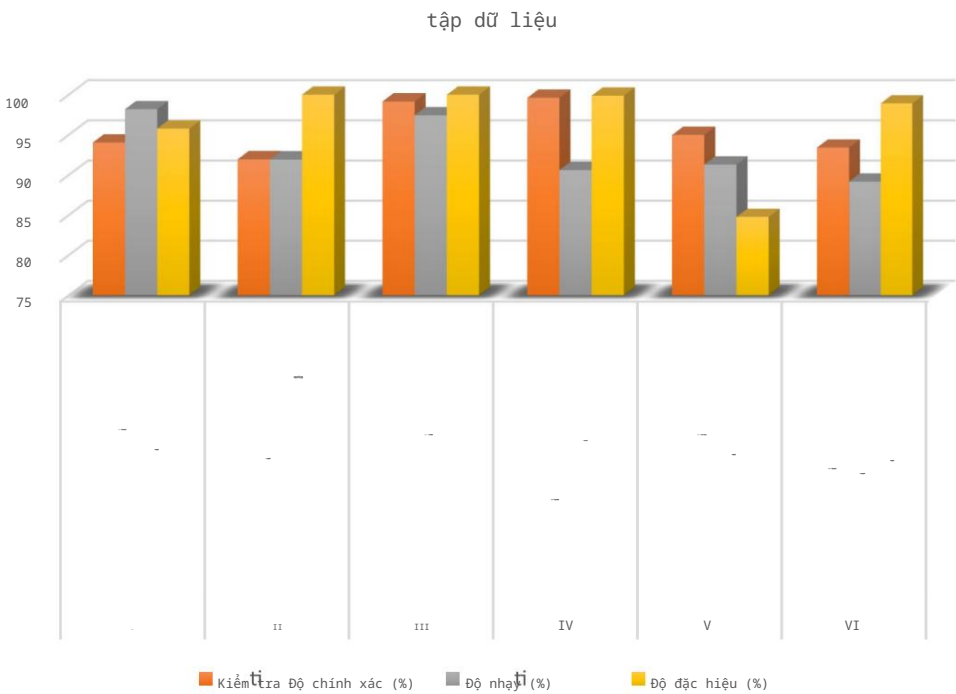
COVID-19 và người không nhiễm bệnh (khỏe mạnh) Hình ảnh CXR đạt hiệu suất cao với độ chính xác kiểm tra 99,16%, độ nhạy 97,44% và độ đặc hiệu 100%. Hình ảnh quét CXR của các loại viêm phổi do vi rút khác nhau là tương tự nhau, khiến bác sĩ X quang khó phân biệt COVID-19 với các bệnh viêm phổi do vi rút khác. Hạn chế này có thể dẫn đến chẩn đoán sai, đồng thời có thể dẫn đến viêm phổi không do virus COVID-19 bị chẩn đoán nhầm thành viêm phổi COVID-19 [17]. Để giải quyết hạn chế này, chúng tôi đã đào tạo mô hình của mình để phân biệt giữa viêm phổi do COVID-19 và viêm phổi do vi rút không phải do COVID-19. Mô hình đạt độ chính xác thử nghiệm 99,62, độ nhạy 90,63% và độ đặc hiệu 99,89%.

Đối với tập dữ liệu nhiều lớp, trước khi đào tạo cả lớp, chúng tôi kiểm tra hiệu suất của mô hình dựa trên phân loại ba cách (COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và khỏe mạnh) để xem mô hình sẽ hoạt động như thế nào trước khi tích hợp vi-rút không phải COVID-19 viêm phổi. Mô hình đạt được độ chính xác thấp so với các mô hình được đào tạo để phân biệt giữa các phân loại nhị phân với độ chính xác thử nghiệm 94,00%, độ nhạy 91,30% và độ đặc hiệu 84,78%. Dựa trên kết quả này, chúng tôi đã đưa ra giả thuyết để đạt được hiệu suất thấp hơn dựa trên phân loại bốn chiều (vi-rút COVID-19, vi-rút không phải COVID-19

Bảng 7 Đánh giá hiệu suất

S/N	tập dữ liệu	Độ chính xác đào tạo (%)	Độ chính xác kiểm tra (%)	Nhạy cảm (%)	Độ đặc hiệu (%)
“	Viêm phổi do virus không phải COVID-19 và khỏe mạnh	96,43	94.05	98,19	95,78
II	Viêm phổi do vi khuẩn và sức khỏe	95,28	91,96	91,94	100.00
III	COVID-19 và sức khỏe	99,71	99,16	97,44	100.00
IV	Viêm phổi do virus COVID-19 và không phải COVID-19	99,57	99,62	90,63	99,89
V	COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và sức khỏe	97,40	95,00	91.30	84,78
VI	COVID-19, viêm phổi do vi-rút không phải COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và người khỏe mạnh	94,18	93,42	89.18	98,92

Hình 4 Đánh giá hiệu suất của các mô hình đang nghiên cứu dựa trên độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu



viêm phổi, viêm phổi do vi khuẩn và khỏe mạnh). Tuy nhiên, mô hình (tức là được đào tạo dựa trên phân loại bốn chiều) đạt độ chính xác thấp hơn so với phân loại ba chiều về độ chính xác kiểm tra (93,42%) và độ nhạy (89,18%) trong khi nó đạt độ đặc hiệu cao hơn (98,92) % so với phân loại ba chiều như trong Bảng 7 và Hình 4.

So sánh với State-of-the-Art

Như thể hiện trong Bảng 8 và 9, hiệu suất của các mô hình AlexNet đã được đào tạo trước được so sánh với các mô hình được đề xuất khác. So với công việc của chúng tôi, nghiên cứu được thực hiện bởi Li et al. [45] nhóm viêm phổi do virus và vi khuẩn là viêm phổi mắc phải ở cộng đồng (CAP). Tuy nhiên, nghiên cứu của chúng tôi phân đối cách tiếp cận này; COVID-19 là một bệnh do vi-rút giống như các bệnh viêm phổi do vi-rút khác. Kết quả chúng tôi đạt được khi so sánh COVID-19 và các bệnh viêm phổi do virus khác cho thấy độ nhạy và độ đặc hiệu thấp hơn (lần lượt là 90,63% và 99,89%) so với COVID-19 và người khỏe mạnh đạt độ nhạy 97,44% và độ đặc hiệu 100%. Yêu cầu của chúng tôi cũng được hỗ trợ bởi Chowdhury et al. [17] người đã tuyên bố rằng “các mô hình hoạt động cực kỳ tốt khi được sử dụng để phân loại COVID-19 và hình ảnh bình thường so với COVID-19 và các bệnh viêm phổi do vi-rút khác.” Cả Bai et al. [55] và Narin et al. [42] cũng đã báo cáo mức độ tương đồng cao giữa COVID-19 và các bệnh viêm phổi do vi-rút khác khi xem xét triển vọng sinh lý và lâm sàng.

Liên quan đến việc phân loại COVID-19 và hình ảnh CXR xấu thông thường, có thể thấy rằng mô hình của chúng tôi cung cấp

hiệu suất tốt hơn đáng kể so với các nghiên cứu sử dụng một số lượng nhỏ các bộ dữ liệu như [42, 44, 46, 47] và các mô hình được phát triển từ đầu như [29]. Tuy nhiên, [46] đạt được độ nhạy cao hơn (tức là 97,91%) so với mô hình của chúng tôi (với độ nhạy 97,44%). Hiệu suất ấn tượng của mô hình được quy cho việc sử dụng TL dựa trên các mô hình được đào tạo trước với số lượng lớp cao hơn đã được chứng minh là hoạt động hiệu quả với lượng dữ liệu ít hơn so với các mô hình được thiết kế từ đầu. Về mặt phân loại giữa không phải COVID-19

viêm phổi do virus và hình ảnh CXR khỏe mạnh, một số nghiên cứu đã sử dụng cùng một bộ dữ liệu do Kermay et al cung cấp. [54]. Phần lớn các nghiên cứu này đạt được hiệu suất cao hơn với độ chính xác trên 90% như các nghiên cứu được thực hiện bởi Stephen et al. [49], Saravia và cộng sự. [51], và Rajaraman et al. [48]. Tuy nhiên, mô hình của chúng tôi đạt được kết quả trong phạm vi tương tự với độ chính xác 94,43%.

Phần kết luận

Công trình này trình bày việc sử dụng mạng lưới thần kinh sâu dựa trên phương pháp TL (được gọi là mô hình AlexNet đã được đào tạo trước) để phát hiện tự động bệnh viêm phổi do COVID-19, viêm phổi do vi-rút không phải COVID-19 và viêm phổi do vi khuẩn. Các mô hình được huấn luyện dựa trên hai lớp nhị phân và đa lớp (ba và bốn lớp). Đối với hai cách phân loại nhị phân, từng loại COVID-19, viêm phổi do vi-rút không phải COVID-19 và viêm phổi do vi khuẩn được phân loại cùng với hình ảnh CXR khỏe mạnh. Đối với đa lớp, các mô hình được đào tạo dựa trên (1)

Tính toán nhận thức

Bảng 8 So sánh giữa kết quả của chúng tôi (dựa trên phân loại nhị phân) với công nghệ tiên tiến nhất

Lớp học	Thần quyền giải quyết	tập dữ liệu	Kết quả		
			AC	SV	Sf
COVID-19 và không phải COVID-19 VP	[44]	305 COVID-19 P và 1493 không Phó chủ tịch COVID-19	96,9%	-	-
	Mô hình của chúng tôi (COVID-19 và không phó phòng đại dịch COVID-19)	371 COVID-19 và 4237 không Phó chủ tịch COVID-19	99,62%	90,63%	99,89%
VP không phải COVID-19 và bộ dữ liệu lành mạnh	[49]	5856 hình ảnh CXR	93,01%	-	-
	[50]	453 hình ảnh CXR	73,1%,	74% 67%	
	[51]	5863 hình ảnh CXR	95,30%	-	-
	[51]	618 hình ảnh CXR	86,7%	-	-
	[48]	5856 CXR	96,2% đối với BP và 93,6% đối với VP không phải COVID-19	-	-
	Mô hình của chúng tôi (VP không phải COVID-19 và bộ dữ liệu khỏe mạnh [42])	4237 VP không phải COVID-19 và 2882 bộ dữ liệu khỏe mạnh	94,43%	98,19%	95,78%
COVID-19 và bộ dữ liệu lành mạnh		COVID-19 50 COVID-19 và 50 hình ảnh CXR bình thường	97% cho Incept tionV3 và 87% cho Inception ResNetV2	-	-
	[44]	305 COVID-19 P	97,4%	-	-
	[46]	185 hình ảnh CXR bình thường và 11 COVID-19	95,12%	97,91%	91,87%
	[47]	453 hình ảnh CXR COVID-19	73,1%	74,00%	67,00%
	Mô hình của chúng tôi (COVID-19 và bộ dữ liệu lành mạnh)	371 COVID-19 và 2882 bộ dữ liệu khỏe mạnh	99,16%	97,44%	100%

Độ chính xác AC , độ nhạy Sv , độ đặc hiệu Sf , viêm phổi P , viêm phổi do virus VP , viêm phổi do vi khuẩn BP , X-quang ngực CXR

phân loại ba chiều (COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và hình ảnh X quang phổi khỏe mạnh) và (2) phân loại bốn chiều (COVID-19, viêm phổi do vi rút không phải COVID-19 và viêm phổi do vi khuẩn và hình ảnh X quang phổi khỏe mạnh). Các mô hình được đánh giá dựa trên độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu

Tuy nhiên, kết quả đã chỉ ra rằng để phân loại bệnh viêm phổi không do virus COVID-19 và bộ dữ liệu khỏe mạnh, mô hình đạt độ chính xác xét nghiệm 94,43%, độ nhạy cảm 98,19% và độ đặc hiệu 95,78%. Đối với viêm phổi do vi khuẩn và bộ dữ liệu khỏe mạnh, mô hình đạt 91,43% thử nghiệm

Bảng 9 So sánh đa lớp giữa kết quả của chúng tôi với công nghệ tiên tiến nhất

Thần quyền giải quyết	tập dữ liệu	Kết quả		
		AC	SV	Sf
[45]	4352 lần quét CT (1292 của COVID-19, 1735 của CAP và 1325 lần quét CT bình thường)	-	90% cho COVID-19 87% cho CAP	96% cho COVID 19 92% cho
				Mô hình TRAI
[17]	423 COVID-19, 1458 VP, và 1579 hình ảnh X-quang ngực bình thường	-	-	-
[44]	không phải COVID-19 VP, 305 COVID-19 P, 2780 BP	90%	-	-
Mô hình của chúng tôi (phân loại ba chiều)	371 COVID-19, 4078 BP và 2882 khỏe mạnh	94,00%	91,30%	84,78%
Mô hình của chúng tôi (sifcation clas bốn chiều)	371 COVID-19, 4237 VP không phải COVID-19, 4078 BP và 2882 khỏe mạnh	93,42%	89,18%	98,92%

Độ chính xác AC , độ nhạy Sv , độ đặc hiệu Sf , viêm phổi P , viêm phổi do virus VP , viêm phổi do vi khuẩn BP , X-quang ngực CXR

độ chính xác, độ nhạy 91,94% và độ đặc hiệu 100%. Về bệnh viêm phổi COVID-19 và hình ảnh CXR khỏe mạnh, mô hình đạt độ chính xác xét nghiệm 99,16%, độ nhạy 97,44% và độ đặc hiệu 100%. Để phân loại bệnh viêm phổi do COVID 19 và viêm phổi do virus không phải do COVID-19, mô hình đạt độ chính xác xét nghiệm 99,62, độ nhạy 90,63% và độ đặc hiệu 99,89%. Đối với bộ dữ liệu nhiều lớp, mô hình đạt độ chính xác xét nghiệm 94,00%, độ nhạy 91,30% và độ đặc hiệu 84,78% đối với phân loại ba chiều (COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và người khỏe mạnh) và độ chính xác xét nghiệm là 93,42%, độ nhạy 89,18% và độ đặc hiệu là 98,92% đối với phân loại bốn chiều (COVID-19, viêm phổi do vi rút không phải COVID-19, viêm phổi do vi khuẩn và khỏe mạnh).

Hiệu suất cao hơn đạt được để phân loại bệnh viêm phổi do COVID-19 và bệnh viêm phổi do virus không phải do COVID-19 và bệnh viêm phổi do COVID-19 với hình ảnh CXR khỏe mạnh đã cho thấy rằng phương pháp phát hiện có sự trợ giúp của máy tính có thể được sử dụng như một phương pháp thay thế hoặc phù hợp với RT-PCR phương pháp đã được chứng minh là kém nhạy cảm, tốn thời gian và công sức. Một trong những hạn chế của nghiên cứu này là chúng tôi đã sử dụng một bộ dữ liệu nhỏ về bệnh viêm phổi do COVID-19. Thách thức này khiến cho việc khái quát hóa kết quả của chúng tôi trở nên khó khăn. Trong tương lai, chúng tôi hy vọng sẽ thu được nhiều tập dữ liệu hơn và huấn luyện hình ảnh bằng cách sử dụng các mạng thần kinh sâu hơn như GoogleNet và ResNet đã được đào tạo trước. Với số lượng tập dữ liệu tương đối, phương pháp xác thực chéo có thể được thực hiện để đánh giá hiệu suất của mô hình. Hơn nữa, các mô hình hybrid đã cho thấy hình dạng tốt hơn khi so sánh với các mô hình đơn lẻ. Kết hợp các mô hình CNN với máy vectơ hỗ trợ (SVM) và hồi quy vectơ hỗ trợ (SVR) cũng có thể cải thiện hiệu suất của mô hình.

Tuân thủ và tiêu chuẩn đạo đức

Phê duyệt đạo đức Bài viết này không chứa bất kỳ nghiên cứu nào với những người tham gia là con người được thực hiện bởi bất kỳ tác giả nào.

Người giới thiệu

1. Obaro SK, Madhi SA. Vắc-xin viêm phổi do vi khuẩn và viêm phổi ở trẻ em: chúng ta đang chiến thắng, cải tiến hay xác định lại? *Lancet Infect Dis.* 2006;6(3):150-61.

2. Pound MW, Drew RH, JR hoàn hảo. Những tiến bộ gần đây trong dịch tễ học, phòng ngừa, chẩn đoán và điều trị bệnh viêm phổi do nấm. *Curr Opin Nhiễm Dis.* 2002;15(2):183-94.

3. Virkki R, Juven T, Rikalainen H, Svedström E, Mertsola J, Ruuskanen O. Phân biệt viêm phổi do vi khuẩn và virus ở trẻ em. *Ngực.* 2002;57(5):438-41.

4. Jones R.N. Nguyên nhân vi khuẩn của viêm phổi do vi khuẩn mắc phải tại bệnh viện và viêm phổi do vi khuẩn liên quan đến máy thở. *lâm sàng. lây nhiễm. Dis.* 2010;51(Bổ sung_1):S81-7.

5. Ruuskanen O, Lahti E, Jennings LC, Murdoch DR. Bệnh viêm phổi do virus. *Đầu ngón.* 2011;377(9773):1264-75.

6. Tổ chức Y tế Thế giới. Phân loại và điều trị viêm phổi trẻ em tại các cơ sở y tế của WHO đã được sửa đổi: tóm tắt bằng chứng. Geneva: Tổ chức Y tế Thế giới; 2014.

7. Gao J, Tian Z, Yang X. Bước đột phá: Chloroquine phosphate đã cho thấy hiệu quả rõ ràng trong điều trị bệnh viêm phổi liên quan đến COVID-19 trong các nghiên cứu lâm sàng. *Xu hướng sinh học.* 2020.

8. Fan Y, Zhao K, Shi ZL, Zhou P. Bat coronaviruses trong China *Viruses.* 2019;11(3):210.

9. Gómez P, Semmler M, Schützenberger A, Bohr C, Döllinger M. Tăng cường hình ảnh ánh sáng yếu của video nội soi tốc độ cao bằng cách sử dụng mạng thần kinh tích chập. *Máy tính Med Biol Eng.* 2019;57(7):1451-63.

10. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, Zhang L, Fan G, Xu J, Gu X, Cheng Z. Đặc điểm lâm sàng của bệnh nhân bị nhiễm coronavirus mới 2019 ở Vũ Hán Trung Quốc. *Đầu ngón.* 2020;395(10223):497-506.

11. Chen SG, Chen JY, Yang YP, Chien CS, Wang ML, Lin LT. Sử dụng các tính năng X quang trong chẩn đoán COVID-19: thách thức và triển vọng. *J Chin Med PGS.* 2020;83(7):644.

12. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, Ren R, Leung KS, Lau EH, Wong JY, Xing X. Động lực lây truyền ban đầu ở Vũ Hán, Trung Quốc, của bệnh viêm phổi do nhiễm coronavirus mới. *N Engl J Med.* 2020.

13. Lai CC, Shih TP, Ko WC, Tang HJ, Hsueh PR. Hội chứng hô hấp cấp tính nặng do vi-rút corona 2 (SARS-CoV-2) và bệnh do vi-rút corona-2019 (COVID-19): đại dịch và những thách thức. *Đại lý chống vi khuẩn Int J.* 2020;17:105924.

14. Wang D, Hu B, Hu C, Zhu F, Liu X, Zhang J, Wang B, Xiang H, Cheng Z, Xiong Y, Zhao Y. Đặc điểm lâm sàng của 138 bệnh nhân nhập viện vì viêm phổi do virus corona chúng tôi 2019 ở Vũ Hán Trung Quốc. *JAMA.* 2020;323(11):1061-9.

15. Rothan HA, Byrareddy SN. Dịch tễ học và cơ chế bệnh sinh của đợt bùng phát bệnh do vi-rút corona (COVID-19). *Tự miễn dịch J.* 2020;26:102433.

16. Mueller M, Derlet PM, Mudry C, Aeppli G. Sử dụng thử nghiệm ngẫu nhiên để quản lý lối thoát an toàn khỏi khóa COVID-19. *bản in sẵn arXiv arXiv: 2004.04614.* 2020.

17. Chowdhury ME, Rahman T, Khandakar A, Mazhar R, Kadir MA, Mahbub ZB, Islam KR, Khan MS, Iqbal A, Al-Emadi N, Reaz MB. Trí tuệ nhân tạo có thể giúp sàng lọc bệnh viêm phổi do virus và COVID-19 không?. *bản in sẵn arXiv arXiv: 2003.13145.* 2020.

18. Ông Keogh-Brown, Smith RD. Tác động kinh tế của SARS: thực tế khớp với dự đoán như thế nào? *Chính sách y tế.* 2008;88(1):110-20.

19. Obobo IK, Tomczyk SM, Al-Asmari AM, Banjar AA, Al-Mugti H, Aloraini MS, Alkhalidi KZ, Almohammadi EL, Alraddadi BM, Gerber SI, Swerdlow DL. Bùng phát MERS-CoV năm 2014 ở Jeddah-liên kết đến các cơ sở chăm sóc sức khỏe. *N Engl J Med.* 2015;372(9):846-54.

20. Ella KM, Mohan VK. Vắc-xin coronavirus: ánh sáng ở cuối đường hầm. *Ấn Độ Pediatr.* 2020;57:407-10.

21. Ghebreyesus T, Lancet SS-T, 2020 U. Các nhà khoa học đang chạy nước rút để vượt qua tiểu thuyết coronavirus. *thelancet.com* 22. Mahase E. Covid-19: Nga phê duyệt vắc xin mà không cần thử nghiệm quy mô lớn hoặc công bố kết quả. *BMJ: British Med J (Trực tuyến).* 2020;13:370.

23. Beck BR, Shin B, Choi Y, Park S, Kang K. Dự đoán các loại thuốc kháng vi-rút bán sẵn trên thị trường có thể tác động lên vi-rút corona mới (SARS CoV-2) thông qua mô hình học sâu tương tác giữa thuốc và mục tiêu. *Đặt Struct Biotechnol J.* 2020.

24. Li Y, Zhang J, Wang N, Li H, Shi Y, Guo G, Liu K, Zeng H, Zou Q. Thuốc điều trị nhắm mục tiêu protease chính của 2019-nCoV bằng sàng lọc thông lượng cao. *BioRxiv.* 2020.

25. Ứng dụng của Vaishya R, Javaid M, Khan IH, Haleem A. Trí tuệ nhân tạo (AI) cho đại dịch COVID-19. *Bệnh tiểu đường & Hội chứng chuyển hóa: Clin Res Rev.* 2020.

26. Zeng T, Zhang Y, Li Z, Liu X, Qiu B. Dự đoán kết thúc truyền ncov 2019 thông qua các phương pháp toàn diện. *bản in sẵn arXiv arXiv: 2002.04945.* 2020.

27. Hu Z, Ge Q, Jin L, Xiong M. Trí tuệ nhân tạo dự báo về covid-19 ở Trung Quốc. bản in sẵn arXiv arXiv: 2002.07112. 2020.
28. LeCun Y, Bengio Y, Hinton G. Học sâu. Thiên nhiên. 2015;521(7553):436-44.
29. Tan C, Sun F, Kong T, Zhang W, Yang C, Liu C. Một cuộc khảo sát về deep transfer learning. Trong Hội nghị quốc tế về mạng lưới thần kinh nhân tạo 2018. trang 270-279. Springer Cham.
30. Krizhevsky A, Sutskever I, Hinton GE. Phân loại Imagenet với các mạng thần kinh tích chập sâu. Trong Những tiến bộ trong hệ thống xử lý thông tin thần kinh. trang 1097-1105. 2012.
31. You Y, Zhang Z, Hsieh CJ, Demmel J, Keutzer K. Imagenet đào tạo trong vài phút. Trong Kỷ yếu của Hội nghị Quốc tế lần thứ 47 về Xử lý song song. trang 1-10. 2018.
32. Han X, Zhong Y, Cao L, Zhang L. Kiến trúc alexnet được đào tạo trước với tổng hợp kim tự tháp và giám sát để phân loại cảnh ảnh viễn thám có độ phân giải không gian cao. Viễn Thám 2017;9(8):848.
33. Lippi G, Simundic AM, Plebani M. Các lỗ hổng tiềm ẩn trước khi phân tích và phân tích trong chẩn đoán phòng thí nghiệm về bệnh vi-rút corona 2019 (COVID-19). Hóa học lâm sàng và Y học phòng thí nghiệm (CCLM). 2020;1(trước khi in).
34. Chen N, Zhou M, Dong X, Qu J, Gong F, Han Y, Qiu Y, Wang J, Liu Y, Wei Y, Yu T. Đặc điểm dịch tễ học và lâm sàng của 99 trường hợp viêm phổi do virus corona mới 2019 ở Vũ Hán, Trung Quốc: một nghiên cứu mô tả. Đầu ngón. 2020;395(10223):507-13.
35. Ching T, Himmelstein DS, Beaulieu-Jones BK, Kalinin AA, Do BT, Way GP, Ferrero E, Agapow PM, Zietz M, Hofman MM, Xie W. Cơ hội và trở ngại cho việc học sâu trong sinh học và y học. Giao diện JR Soc. 2018;15(141):20170387.
36. Kallianos K, Mongan J, Antani S, Henry T, Taylor A, Abuya J, Kohli M. Chúng ta đã đi được bao xa rồi? Trí thông minh nhân tạo để giải thích X quang ngực. Phòng khám Radiol. 2019;1;74(5):338-45.
37. Wang F, Casalino LP, Khullar D. Học sâu trong y khoa-hứa hẹn, tiến bộ và thách thức. JAMA thực tập Med. 2019;179(3):293-4.
38. Wang W, Xu Y, Gao R, Lu R, Han K, Wu G, Tan W. Phát hiện SARS-CoV-2 trong các loại bệnh phẩm lâm sàng khác nhau. Jama. 2020; 12:323(18):1843-4.
39. Shan F, Gao Y, Wang J, Shi W, Shi N, Han M, Xue Z, Shi Y. Định lượng nhiễm trùng phổi của covid-19 trong hình ảnh CT với deep learning. bản in sẵn arXiv arXiv: 2003.04655. 2020.
40. Yang W, Yan F. Bệnh nhân mắc COVID-19 được xác nhận bằng RT-PCR và CT ngực bình thường. Phóng xạ học. 2020;295(2): E3-.
41. Apostolopoulos ID, Mpesiana TA. Covid-19: phát hiện tự động từ hình ảnh tia X bằng cách sử dụng học chuyển giao với mạng nơ-ron tích chập. Phys Eng Sci Med. 2020;3:1.
42. Narin A, Kaya C, Pamuk Z. Tự động phát hiện bệnh do vi-rút corona (covid-19) bằng cách sử dụng hình ảnh X-quang và mạng lưới thần kinh tích chập sâu. arXiv in sẵn arXiv: 2003.10849. 2020.
43. Wang L, Wong A. COVID-Net: Thiết kế mạng nơ-ron tích chập sâu phù hợp để phát hiện các trường hợp COVID-19 từ hình ảnh X-quang ngực. bản in sẵn arXiv arXiv: 2003.09871. 2020.
44. Mahmud T, Rahman MA, Fattah SA. CovXNet: một mạng lưới thần kinh tích chập đa giản nở để tự động phát hiện COVID-19 và các bệnh viêm phổi khác từ hình ảnh X-quang ngực với tối ưu hóa tính năng đa tiếp nhận có thể chuyển nhượng. Máy tính Biol Med. 2020;1(122):103869.
45. Li L, Qin L, Xu Z, Yin Y, Wang X, Kong B, Bai J, Lu Y, Fang Z, Song Q, Cao K. Trí tuệ nhân tạo phân biệt COVID-19 với viêm phổi mắc phải cộng đồng trên CT ngực. Phóng xạ học. 2020.
46. Abbas A, Abdelsamea MM, Gaber MM. Phân loại COVID 19 trong hình ảnh X-quang ngực bằng cách sử dụng mạng lưới thần kinh tích chập sâu DeTraC. bản in sẵn arXiv arXiv: 2003.13815. 2020.
47. Wang S, Kang B, Ma J, Zeng X, Xiao M, Guo J, Cai M, Yang J, Li Y, Meng X, Xu B. Một thuật toán học sâu sử dụng hình ảnh CT để sàng lọc Bệnh do vi-rút Corona (COVID -19). MedRxiv. 2020.
48. Rajaraman S, Candemir S, Kim I, Thoma G, Antani S. Trực quan hóa và giải thích các dự đoán mạng thần kinh tích chập trong việc phát hiện viêm phổi trên phim chụp X quang phổi ở trẻ em. Ứng dụng Khoa học. 2018;8(10):1715.
49. Stephen O, Sain M, Maduh UJ, Jeong DU. Một cách tiếp cận học sâu hiệu quả để phân loại bệnh viêm phổi trong chăm sóc sức khỏe. J healthc eng. 2019;27:2019.
50. Wang S, Sun J, Mehmood I, Pan C, Chen Y, Zhang YD. Nhận dạng chảy máu vi mô não dựa trên mạng nơ-ron tích chập chín lớp với tổng hợp ngẫu nhiên. Đồng thời và tính toán: Thực hành và kinh nghiệm. 2020;32(1):5130.
51. Saraiva AA, Ferreira NM, de Sousa LL, Costa NJ, Sousa JV, Santos DB, Valente A, Soares S. Phân loại hình ảnh viêm phổi ở trẻ em bằng cách sử dụng mạng lưới thần kinh tích chập. Trong BIOIMAGING. 2019;1:112-9.
52. Rajpurkar P, Irvin J, Zhu K, Yang B, Mehta H, Duan T, Ding D, Bagul A, Langlotz C, Shpanskaya K, Lungren MP. CheXnet: Phát hiện bệnh viêm phổi ở cấp độ bác sĩ X quang trên phim chụp X-quang ngực bằng kỹ thuật học sâu. bản in sẵn arXiv arxiv: 1711.05225. 2017.
53. Tajbakhsh N, Shin JY, Gurudu SR, Hurst RT, Kendall CB, Gotway MB, Liang J. Mạng nơ-ron tích chập để phân tích hình ảnh y tế: Đào tạo đầy đủ hay tính chính? Giao dịch của IEEE về hình ảnh y tế. 2016;7;35(5):1299-312.
54. Kermany D, Zhang K, Goldbaum M. Chụp cắt lớp kết hợp quang học được dán nhãn (OCT) và hình ảnh X-quang ngực để phân loại. Dữ liệu Mendeley 2018;2.
55. Bai HX, Hsieh B, Xiong Z, Halsey K, Choi JW, Tran TM, Pan I, Shi LB, Wang DC, Mei J, Jiang XL. Hiệu suất của các bác sĩ X quang trong việc phân biệt COVID-19 với viêm phổi do vi rút trên CT ngực. Phóng xạ học. 2020.
56. Kolhar M, Al-Turjman F, Alameen A, Abualhaj M. Một kiến trúc sinh trắc học IoT phi tập trung ba lớp để phong tỏa thành phố trong đợt bùng phát COVID-19. Truy cập IEEE. 2020;8(1):163608-17.
57. Rahman M, Zaman N, Asyharria A, Al-Turjman F, Bhuiyan M, Zolkipli M. Khung phân cụm động dựa trên dữ liệu để giảm thiểu tác động kinh tế bất lợi của các biện pháp phong tỏa do Covid-19 gây ra. Các thành phố và xã hội bền vững Elsevier. 2020;62:102372.
58. Waheed A, Goyal M, Gupta D, Khanna A, Al-Turjman F, Pinheiro PR "CovidGAN: Tăng cường dữ liệu bằng GAN phân loại phụ trợ để phát hiện Covid-19 được cải thiện", Truy cập IEEE, 2020.
59. Toán học. Huấn luyện mạng lưới thần kinh để học sâu <https://www.mathworks.com/help/deeplearning/ref/trainnetwork.html>. Truy cập ngày 12 tháng 10 năm 2020.