



VIII JORNADA CONMEMORATIVA DE
CIENCIAS CARDIOQUIRÚRGICAS
DR ISMAEL ALEJO IN MEMORIAM

INTELIGENCIA ARTIFICIAL PARA IDENTIFICAR COINFECCIONES ASOCIADAS A LA COVID-19

Yaumara Aguilera Calzadilla¹, Marilyn Bello García², Elvys Perez Bada³, María Matilde García Lorenzo⁴

1. Doctor en Medicina, especialista de primer grado en Microbiología, Hospital Manuel Fajardo Rivero de Villa Clara, Cuba.
2. Marilyn Bello García, especialista en Cibernéticas, Universidad Central de Las Villas, Villa Clara, Cuba.
3. Doctor en Ciencias, especialista de segundo grado en Medicina Interna, Universidad Medica de Villa Clara, Cuba.
4. Doctor en Ciencias, Universidad Central de Las Villas, Villa Clara, Cuba.

Correo electrónico: yaumaraac@infomed.sld.cu

RESUMEN

Coexiste la probabilidad de que los pacientes con COVID 19 puedan infectarse posteriormente o de forma coincidente por bacterias u hongos. En el hospital Manuel Fajardo, se demostró en un estudio realizado entre marzo y julio del año 2020 que el 7,9 % de los pacientes ingresados presentaron una infección asociada. Entre los fallecidos el 60 % de ellos presentaron una infección asociada. Para dar respuesta a esta situación de salud se comenzó a trabajar en conjunto con la Universidad Central de las Villas en la elaboración de un modelo de inteligencia artificial, a través de una red neuronal multi-etiqueta capaz de detectar tales infecciones en un paciente con SARS-CoV-2. Las variables que caracterizan el modelo se dividen en cinco grandes grupos: epidemiológico (G1), clínico (G2), radiológico (G3), laboratorio clínico (G4) y microbiológico (G5) —el último grupo, incluida la susceptibilidad a los antimicrobianos y toda la información relacionada con coinfección. La arquitectura propuesta implica una red neuronal completamente conectada con cuatro capas: una capa de entrada, dos capas ocultas y una capa de salida. Este modelo fue validado en post-hoc etapa, lo que hizo posible identificar variables de entrada significativas en la salida del clasificador.

Finalmente, mediante el uso del modelo propuesto identificamos que una combinación de variables clínicas, de laboratorio y epidemiológicas, como la edad, la comorbilidades y la relación la relación neutrófilo/linfocito, predice si los pacientes con COVID-19 desarrollan una coinfección.

Palabras clave: inteligencia artificial, COVID-19, coinfección

INTRODUCCIÓN

Para el diagnóstico de pacientes con COVID-19, existen muchas guías clínicas. Sin embargo, se ha prestado poca atención a la coinfección bacteriana y fúngica de esta enfermedad, y el proceso de prueba estandarizado de la coinfección aún no está disponible. Es difícil distinguir las infecciones bacterianas o micóticas de la neumonía viral existente en función del rendimiento clínico y radiológico.¹⁻⁵

En este contexto, los modelos de inteligencia artificial (IA) se han utilizado en varias investigaciones médicas a nivel mundial. Con frecuencia, el objetivo en la recolección de datos obedece al afán de explicar las interrelaciones que existen entre ciertas variables, o a determinar los factores que afectan a la presencia o ausencia de un episodio adverso determinado. Así, mediante la combinación de síntomas, comorbilidades y pruebas de laboratorio, se podrá conocer el posible nivel de gravedad e intervenir anticipadamente ante la previsión, se podrían instaurar tratamientos de manera más precoz, con el objetivo final de reducir los ingresos en cuidados intensivos y la mortalidad.³

Las coinfecciones asociadas al nuevo coronavirus SARS-CoV-2 se clasifican en infección bacteriana e infección fúngica (o micótica). Desde el punto de vista del aprendizaje automático esto se considera un problema de clasificación multi-etiqueta, donde cada caso tiene asociado tres posibles etiquetas: coinfección bacteriana (L2), coinfección micótica (L3), o el paciente no presenta coinfección (L1).⁶

OBJETIVO

Desarrollar un modelo de detección temprana de coinfecciones en pacientes con SARS-CoV-2 a partir de técnicas de aprendizaje automático Multi-etiquetas, específicamente redes neuronales multi-etiquetas.

MÉTODOS

En el hospital Manuel Fajardo, se desarrolló un estudio entre marzo y noviembre del año 2020, para determinar la presencia de una infección asociada a la COVID-19. Para ello, se consideró como conjunto de aprendizaje las historias clínicas de 42 pacientes. Las variables que caracterizan cada paciente se dividen en cuatro grandes grupos: datos personales, datos clínicos, complementarios del laboratorio clínico y susceptibilidad antimicrobiana, variables referidas a la coinfección.

Grupo de variables correspondiente a datos personales: EDAD(A0), SEXO(A1), ESTADIA EN HOSPITAL(A2), ESTADO AL EGRESO (A3), SALA DE HOSPITALIZACIÓN (A4).

Grupo de variables correspondiente a datos clínicos: DIAGNÓSTICO CLÍNICO (A5-17), ANTECEDENTES PATOLÓGICOS PERSONALES(A18-A29),

CUADRO CLÍNICO (A30-A42), FRECUENCIA CARDIACA (A43), FRECUENCIA RESPIRATORIA (A44), CARACTERÍSTICAS DEL RAYO X (A45-A47), ESTADO DE EVACUACIÓN (A48-A50), MEDICAMENTOS EMPLEADOS (A51-A58), PROCEDERES INVASIVOS (A59-A61).

Grupo de variables correspondiente a complementarios del laboratorio clínico y susceptibilidad antimicrobiana (A62-A80): LEUCOCITOS, PMNN, LINFOCITOS, PLAQUETAS, HEMOGLOBINA, HEMATOCRITO, CREATININA, TGP, TGO, DD, COLESTEROL, TRIGLICÉRIDOS, ACIDO URICO, GLICEMIA.

Grupo de variables referidas a la coinfección: NUMERO DE CULTIVOS (A81), MICROORGANISMO AISLADO (ECOLI (A82), CANDIDA (A83), PA (A84), ECN (A85), EA (A86), CABC (A87), KPNEUMONIAE (A88), MORAXELLA (A89), EBA (A90)), RESISTENCIA ANTIMICROBIANA (A91), MDR (A92), TIPO DE CULTIVO (COPRO (A93), URO (A94), TET (A95), CVC (A96), HEMO (A97), TQ (A98).

Estas 47 variables se exploraron y se eliminaron las variables altamente correlacionadas. Esto dejó 12 variables incluidas como variables de entrada para entrenar los algoritmos. Para el entrenamiento y la validación, se realizó una validación cruzada estratificada de 10 veces

Para dar respuesta a esta situación de salud se comenzó a trabajar en conjunto con la Universidad Central de las Villas en la elaboración de un modelo de inteligencia artificial, a través de una red neuronal multi-etiqueta capaz de detectar tales infecciones en un paciente con SARS-CoV-2. Las variables que caracterizan el modelo se dividen en cinco grandes grupos: epidemiológico (G1), clínico (G2), radiológico (G3), laboratorio clínico (G4) y microbiológico (G5) —el último grupo, incluida la susceptibilidad a los antimicrobianos y toda la información relacionada con coinfección. La arquitectura propuesta implica una red neuronal completamente conectada con cuatro capas: una capa de entrada, dos capas ocultas y una capa de salida. Este modelo fue validado en post-hoc etapa, lo que hizo posible identificar variables de entrada significativas en la salida del clasificador.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Hasta donde sabemos, este es uno de los primeros intentos en Cuba de utilizar la IA para analizar datos de una serie de pacientes con COVID-19 en busca de un diagnóstico prematuro de coinfecciones bacterianas con el SARS - CoV-2 .

Proporciona una base teórica y fáctica para un tratamiento preciso, una prevención y un tratamiento puntual de las complicaciones infecciosas y una reducción eficaz de la tasa de mortalidad de los pacientes infectados por coronavirus.

Esperamos que la exploración del papel de las coinfecciones bacterianas y del SARS - CoV-2 resulte en una mejor salud de los pacientes con COVID - 19, pero también descubra una nueva vía a través de la IA, para el diagnóstico oportuno de estas, así como la mayor tolerancia / resistencia a los antimicrobianos.

A diferencia de los métodos estadísticos clásicos (por ejemplo, regresión logística), la principal ventaja asociada con el uso del aprendizaje automático en este contexto es que permite la detección automática de relaciones significativas entre variables.

El diagnóstico de la coinfección es complejo pero su reconocimiento es vital, se reconoce que puede ser difícil distinguir la infección bacteriana o fúngica y la neumonía viral existente en función de la apariencia clínica y radiológica, el examen microbiológico puede agregar un gran valor a los diagnósticos.¹

Los datos clínicos con respecto a las infecciones bacterianas y fúngicas son valiosos para guiar el tratamiento basado en la evidencia de COVID-19. Por lo tanto, el estudiar a través de la IA, infecciones bacterianas o fúngicas en pacientes con COVID-19 en aspectos como: patógenos y sus resultados de sensibilidad a los medicamentos, proporcionan así la evidencia teórica y objetiva para un tratamiento preciso; prevención y control preciso de complicaciones de infección; y reducción efectiva de la mortalidad de pacientes con COVID-19.

Un diagnóstico precoz de infección secundaria, preferiblemente utilizando métodos capaces de detectar una amplia gama de posibles patógenos y resistencias a los antimicrobianos, con el seguimiento posterior del desarrollo de la infección, se convierte en una herramienta terapéutica.³

Resulta conveniente disponer de un modelo de inteligencia artificial específico diseñado para apoyar la toma de decisiones en el orden preventivo, diagnóstico y terapéutico y que sirva de complemento al método clínico, permitiendo establecer un protocolo de diagnóstico terapéutico para determinar la infección bacteriana y fúngica asociadas al nuevo coronavirus.^{5,6}

En Cuba se ha logrado, aplicando técnicas de inteligencia artificial (IA), contribuir al enfrentamiento a la COVID-19, contar con bases de datos, que registren las características de los pacientes y su evolución ha permitido realizar análisis y obtener reglas que describen las tendencias en su evolución, siempre con el respeto debido a la privacidad de la información personal de los pacientes.⁸

CONCLUSIONES

Se concluye a través del modelo propuesto que una combinación de variables clínicas, de laboratorio y epidemiológicas, como la edad, la comorbilidades y la relación la relación neutrófilo/linfocito, predice si los pacientes con COVID-19 desarrollan una coinfección.

REFERENCIAS

1. Aguilera Calzadilla Y, Díaz Morales Y, Ortiz Díaz LA, Gonzalez Martínez OL, Lovelle Enríquez OA, Sánchez Álvarez ML. Infecciones bacterianas asociadas a la COVID-19 en pacientes de una unidad de cuidados intensivos. *Revista Cubana de Medicina Militar* .2020[acceso: 26/07/2020] 49(3): Disponible en: : e0200793. <http://www.revmedmilitar.sld.cu/index.php/mil/article/view/793/539>
2. Díaz Medina LM, Medina García M, Duque González AC, Miguélez Nodarse R. Susceptibilidad antimicrobiana en muestras clínicas de pacientes con infecciones asociadas a la atención de salud. *Revista Habanera de Ciencias Médicas*. 2017[acceso: 07/02/2021];16(3):[aprox. 14 p.]. Disponible en: <http://www.revhabanera.sld.cu/index.php/rhab/article/view/1650>
3. González Castro A, Escudero Acha P, Peñasco Y, Leizaola A, Martínez de Pinillos Sánchez V, García de Lorenzo A. Cuidados intensivos durante la epidemia de coronavirus 2019. *Medicina Intensiva*. 2020. [acceso: 27/03/2021]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0210569120300899>
4. Rawson TM, Moore LSP, Zhu N, Ranganathan N, Skolimowska K, Gilchrist M, et al. Bacterial and fungal co-infection in individuals with coronavirus: A rapid review to support COVID-19 antimicrobial prescribing. *Clin Infect Dis*. 2020[acceso: 26/03/2021]; 0954162(478):1-4. Disponible en: <https://academic.oup.com/cid/advance-article/doi/10.1093/cid/ciaa530/5828058>
5. Fernández Rodríguez A, Casas I, Culebras E, Morilla E, Cohen MC, Alberola J. COVID-19 y estudios microbiológicos post mortem. *Revista Española de Medicina Legal*. 2020[acceso: 26/03/2021];46(3):127-38. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0377473220300304/pdf?md5=ec25ee2a89a69b3bd95fae7f52ebbcbe&pid=1-s2.0-S0377473220300304-main.pdf>
6. Kirchhelle C, Roberts A, Singer AC. Antibiotic Resistance Could Lead to More COVID-19 Deaths. *Scientific American*. 2020[acceso: 30/03/2021];2(2):[aprox. 8 pant.]. Disponible en:<https://blogs.scientificamerican.com/observations/antibiotic-resistance-could-lead-to-more-covid-19-deaths/>

7. Kluge S, Janssens U, Welte T, Weber-Carstens S, Marx G, Karagiannidis C. German recommendations for critically ill patients with COVID 19. Med Klin Intensivmed Notfmed. 2020[acceso: 26/02/2021];1-4. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7155395/>
8. Bello R, García Lorenzo MM, Ramón-Hernández A, Bello-García B, Bello-García M, Caballero Y, et al. Una mirada a la inteligencia artificial frente a la COVID-19 en Cuba. Rev. Cub. Transf. Dig. [Internet]. 13 de diciembre de 2020 [citado 2 de marzo de 2021];1(3):27-36. Disponible en: <https://rctd.uic.cu/rctd/article/view/92>.