

HUMANAS E SOCIAIS

V.12 • N.3 • 2025 • Publicação Contínua

ISSN Digital: 2316-3801

ISSN Impresso: 2316-3348

DOI: 10.17564/2316-3801.2025v12n3p131-146



SOFTWARE COM APLICAÇÃO DE INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL PARA PREVER INFECÇÕES DO TRATO URINÁRIO CAUSADAS POR BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES

SOFTWARE USING ARTIFICIAL INTELLIGENCE TO PREDICT
URINARY TRACT INFECTIONS CAUSED BY MULTIDRUG-
RESISTANT BACTERIA

PROGRAMA INFORMÁTICO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL PARA
PREDECIR LAS INFECCIONES URINARIAS CAUSADAS POR
BACTERIAS MULTIRRESISTENTES

Bruna Orlandin¹

Rodrigo Schrage Lins²

Lessandra Michelin Rodriguez Lins³

Leandro Luís Corso⁴

RESUMO

A resistência antimicrobiana é uma questão crítica global que ameaça os avanços na saúde pública. Nos últimos anos, o aumento da resistência bacteriana aos antibióticos tem causado um número alarmante de mortes e custos elevados para o sistema de saúde. Além disso, o desenvolvimento de novos antibióticos é um processo demorado e desafiador, agravando ainda mais o problema. Nesse contexto, a inteligência artificial (IA) surge como uma ferramenta poderosa, permitindo a análise de múltiplos critérios para auxiliar no combate a infecções bacterianas multirresistentes. O objetivo deste projeto é desenvolver um software baseado em IA para prever infecções do trato urinário (ITU) causadas por bactérias resistentes a determinados antibióticos. A metodologia consistiu em um estudo retrospectivo com 762 pacientes internados com ITU entre outubro de 2013 e abril de 2019. Os pacientes foram divididos aleatoriamente em grupos de treinamento e validação. Os resultados mostram que a rede neural artificial (RNA) desenvolvida para prever infecções por enterobactérias produtoras de carbapenemase (CRE) apresenta uma acurácia de 96,1%, com sensibilidade de 89,2% e especificidade de 98,4%. Para enterobactérias produtoras de beta-lactamase de espectro estendido (ESBL), a acurácia foi de 91,6%, com sensibilidade de 92,6% e especificidade de 94,8%. Esses resultados demonstram a alta eficácia do modelo para identificar padrões de infecções urinárias causadas por essas bactérias multirresistentes. A implementação deste sistema pode inovar o diagnóstico médico, reduzir a resistência bacteriana por tratamentos inadequados e diminuir os custos relacionados a reconsultas e internações.

PALAVRAS-CHAVE

Inteligência Artificial. Redes Neurais Artificiais. Infecções do Trato Urinário. Resistência bacteriana.

ABSTRACT

Antimicrobial resistance is a critical global issue that threatens advances in public health. In recent years, the rise of bacterial resistance to antibiotics has led to an alarming number of deaths and increased healthcare costs. Additionally, the development of new antibiotics is a slow and challenging process, further exacerbating the problem. In this context, artificial intelligence (AI) emerges as a powerful tool, enabling the analysis of multiple criteria to help combat multidrug-resistant bacterial infections. The aim of this project is to develop AI-based software to predict urinary tract infections (UTIs) caused by bacteria resistant to specific antibiotics. The methodology involved a retrospective study of 762 patients hospitalized with UTIs between October 2013 and April 2019. Patients were randomly assigned to training and validation groups. The results show that the artificial neural network (ANN) developed to predict infections caused by carbapenemase-producing enterobacteria (CRE) bacteria has an accuracy of 96.1%, with a sensitivity of 89.2% and specificity of 98.4%. For extended-spectrum beta-lactamase (ESBL) bacteria, the accuracy was 91.6%, with a sensitivity of 92.6% and specificity of 94.8%. These findings demonstrate the high effectiveness of the model in identifying patterns of urinary infections caused by these multidrug-resistant bacteria. Implementing this system could innovate medical diagnostics, reduce bacterial resistance through more accurate treatments, and lower costs related to patient readmissions and hospitalizations.

KEYWORDS

Artificial Intelligence; Artificial Neural Networks; Urinary Tract Infections; Bacterial Resistance.

RESUMEN

La resistencia antimicrobiana es un problema global crítico que amenaza los avances en la salud pública. En los últimos años, el aumento de la resistencia bacteriana a los antibióticos ha causado un número alarmante de muertes y costos elevados para el sistema de salud. Además, el desarrollo de nuevos antibióticos es un proceso lento y desafiante, lo que agrava aún más el problema. En este contexto, la inteligencia artificial (IA) surge como una herramienta poderosa, permitiendo el análisis

de múltiples criterios para ayudar a combatir infecciones bacterianas multirresistentes. El objetivo de este proyecto es desarrollar un software basado en IA para predecir infecciones del tracto urinario (ITU) causadas por bacterias resistentes a antibióticos específicos. La metodología consistió en un estudio retrospectivo con 762 pacientes hospitalizados por ITU entre octubre de 2013 y abril de 2019. Los pacientes se asignaron aleatoriamente a grupos de entrenamiento y validación. Los resultados muestran que la red neuronal artificial (RNA) desarrollada para predecir las infecciones por enterobacterias productoras de carbapenemasas (CRE) presenta una precisión del 96,1%, con una sensibilidad del 89,2% y una especificidad del 98,4%. Para las enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (ESBL), la precisión fue del 91,6%, con una sensibilidad del 92,6% y una especificidad del 94,8%. Estos resultados demuestran la alta eficacia del modelo para identificar patrones de infecciones urinarias causadas por estas bacterias multirresistentes. La implementación de este sistema podría innovar el diagnóstico médico, reducir la resistencia bacteriana a través de tratamientos más precisos y disminuir los costos relacionados con las readmisiones y hospitalizaciones de los pacientes.

PALABRAS CLAVE

Inteligencia Artificial. Redes Neuronales Artificiales; Infecciones del Tracto Urinario. Resistencia Bacteriana

1 INTRODUÇÃO

As infecções do trato urinário (ITU) são infecções bacterianas prevalentes, com impacto significativo na saúde pública. Essas infecções podem ser categorizadas como complicadas e não complicadas, sendo as primeiras relacionadas a fatores comprometedores da urodinâmica do paciente, enquanto as não complicadas estão associadas a cistites comunitárias (Flores-Mireles *et al.*, 2015). Nos Estados Unidos, estima-se que cerca de 1% de todas as consultas clínicas sejam relacionadas a ITU (Foxman, 2010). Em pacientes hospitalizados, elas estão associadas a uma taxa de mortalidade de 2,3% e um custo anual estimado de US\$ 340 a US\$ 450 milhões nos Estados Unidos (Yang *et al.*, 2022).

Essas infecções também estão intimamente relacionadas ao uso generalizado de antibióticos, sendo uma das principais causas de prescrição desses medicamentos. O uso inadequado e excessivo de antibióticos tem contribuído para o surgimento da resistência antimicrobiana (RAM), que se tornou uma das maiores ameaças à saúde pública global (Huemer *et al.*, 2020). A RAM ocorre quando microrganismos desenvolvem a capacidade de resistir à ação de antibióticos, comprometendo a eficácia dos tratamentos (Aslam *et al.*, 2018).

Atualmente, a Inteligência Artificial (IA) tem demonstrado um grande potencial no combate à RAM, especialmente em sua aplicação na previsão de infecções causadas por bactérias multirresis-

tentes. Ferramentas como as Redes Neurais Artificiais (RNA) estão sendo utilizadas para melhorar o diagnóstico e a escolha de terapias adequadas, alcançando taxas de precisão superiores aos métodos tradicionais (Goździkiewicz *et al.*, 2022). Contudo, ainda existem lacunas quanto à aplicação prática da IA no manejo de ITU complicadas, destacando a necessidade de estudos mais aprofundados para melhorar sua aplicação clínica.

2 METODOLOGIA

2.1 ADEQUAÇÃO DO BANCO DE DADOS

Esse estudo retrospectivo foi conduzido em três hospitais do Estado do Rio Grande do Sul, Brasil. Os dados foram coletados pelos profissionais de saúde nos prontuários de pacientes hospitalizados com diagnóstico de infecção do trato urinário adquirida na comunidade no período de outubro de 2013 a abril de 2019. O banco de dados possuía informações de 1.257 pacientes. Para a análise, foram excluídos 495 registros, por informações incompletas. Foram consideradas para análise de ITU causadas por enterobactérias produtoras de beta-lactamase de espectro estendido (ESBL) ou enterobactérias produtoras de carbapenemase (CRE) um total de 762 registros.

Os critérios de exclusão estabelecidos para este estudo foram: pacientes que não se encontravam internados e pacientes que contraíram a ITU no ambiente hospitalar. Nos prontuários clínicos foram obtidas informações sobre o sexo e idade, bactéria isolada e perfil de resistência antimicrobiana, além dos fatores de risco. O conjunto de dados para cada um dos pacientes foi composto por 22 itens conforme exposto no Quadro 1.

Quadro 1 – Dados de entrada para desenvolvimento da RNA

Variável	Tipo	Variável	Tipo
Sexo	Categórica nominal	Casa de repouso	Categórica nominal
Idade	Numérica contínua	Insuficiência Renal (Creatinina>3)	Categórica nominal
Classificação da ITU	Categórica nominal	Cardiopatia	Categórica nominal
Repetição da ITU	Categórica nominal	Hepatopatia	Categórica nominal
Hospitalização prévia	Categórica nominal	Diabetes	Categórica nominal
Permanência na UTI	Categórica nominal	Ostomias	Categórica nominal
Uso prévio de antibiótico	Categórica nominal	Demência	Categórica nominal
Qual antibiótico?	Categórica nominal	Infecção Sexualmente Transmissível (IST)	Categórica nominal

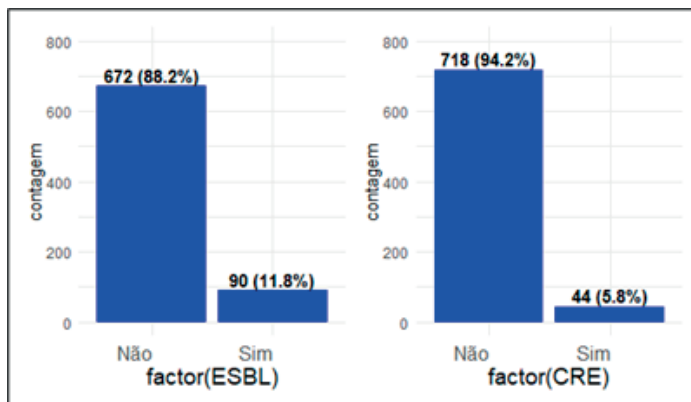
Variável	Tipo	Variável	Tipo
Procedimento do trato genital	Categórica nominal	Doença pulmonar crônica	Categórica nominal
Cateter vesical	Categórica nominal	Gestante	Categórica nominal
Doença Renal/Vesical estrutural	Categórica nominal	Neoplasias	Categórica nominal

Fonte: Autores (2024).

Na construção do banco de dados para cada um dos itens utilizados foi criada uma classificação numérica para posterior aplicação de IA e criação do *software*. A maioria das variáveis estudadas têm classificação categórica nominal. Com o auxílio do *software* RStudio® foi realizada uma análise descritiva dos dados com intuito de entender o comportamento de cada uma das variáveis utilizadas no estudo.

O banco de dados foi validado com as informações de 762 registros de pacientes com diagnóstico de ITU adquirida na comunidade, sendo que 186 registros se referem a pacientes do sexo masculino e 576 ao sexo feminino. As ITU foram classificadas na base de dados em infecções complicadas (385), ou seja, que apresentaram maior risco de complicações ou óbito ao paciente e não complicadas (377), sendo quadros de cistite. Entre os tipos de mecanismos de resistência das bactérias causadoras das ITU, das 762 amostras, 134 registros foram ocasionados por germes ESBL ou CRE, a Figura 1 representa esta distribuição.

Figura 1 – Mecanismos de resistência das bactérias causadoras de ITU



Fonte: Autores com auxílio do software RStudio (2024).

Foram identificados 134 registros de ITU comunitárias tendo cepas multirresistentes como agentes etiológicos, sendo 90 registros (67,2%) com ITU causadas por bactérias ESBL e 44 registros (32,8%) com bactérias CRE.

2.2 IMPLEMENTAÇÃO DO MODELO DE IA

Após análise e parametrização inicial do banco foi realizado um pré-processamento dos dados. Esta etapa é essencial para obter um desempenho adequado do sistema (Pan *et al.*, 2022). Nessa fase foi utilizada a função *StandardScaler* do *software* Python® que transforma os dados para que cada variável tenha média zero e desvio padrão igual a um, garantindo que todas as características tenham a mesma escala (Pedregosa *et al.*, 2011).

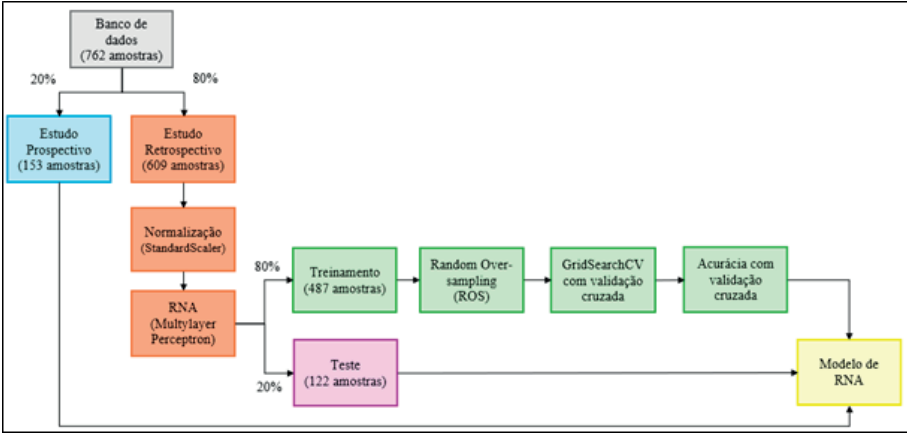
Essa etapa é crucial, pois ajuda a equilibrar as escalas das variáveis, prevenindo o domínio de características com magnitudes maiores sobre aquelas com magnitudes menores durante o treinamento da RNA (Singh; Singh, 2020). Além disso, a normalização facilita a convergência do algoritmo de otimização. Ao padronizar os dados de entrada, o *StandardScaler* também auxilia na interpretação do modelo, pois as unidades das características se tornam consistentes e comparáveis entre si (Goodfellow; Bengio; Courville, 2016).

Uma RNA para reconhecimento de padrões do tipo Multilayer Perceptron (MLP) foi empregada após o pré-processamento dos dados. As RNA são um subcampo da IA conectados com algoritmos que simulam a função e estrutura do cérebro humano para encontrar relações complexas e altamente não lineares entre variáveis de fatores de entrada e parâmetros de saída (Salehi *et al.*, 2020; Jahedi *et al.*, 2023). As MLP como um dos tipos de RNA, são uma das arquiteturas mais populares (Akinsal *et al.*, 2018), elas apresentam uma camada de entrada, uma camada de saída e várias camadas ocultas ou intermediárias (Pan *et al.*, 2022).

Na MLP, cada neurônio combina funções das camadas anteriores, gerando interconexões que melhoram o processamento e a capacidade de aprendizagem adaptativa (Haykin, 2001; Faceli *et al.*, 2011). O modelo utilizado nesse estudo foi do tipo *backpropagation* com topologia *feedforward*, contendo duas camadas intermediárias de 100 neurônios cada e utilizando a função de ativação sigmoidal. O treinamento foi realizado com Python®, distribuindo 80% dos dados para o treino e 20% para testes.

Para corrigir o desbalanceamento de classes, foi aplicado o método *Random Over-sampling* (ROS), aumentando as amostras minoritárias e equilibrando o aprendizado, prevenindo o *overfitting* (Kaur, Pannu e Malhi, 2020; Johnson e Khoshgoftaar, 2019). A técnica *GridSearchCV* foi utilizada para otimizar hiperparâmetros, explorando combinações com validação cruzada, garantindo uma configuração eficiente e avaliação precisa do modelo (Géron, 2019). Na Figura 2 tem-se o passo a passo para desenvolvimento da RNA.

Figura 2 – Passo a passo desenvolvimento da RNA



Fonte: Autores com auxílio do *software* Bizagi Modeler (2024).

No estudo, das 762 amostras, 609 foram utilizadas para um estudo retrospectivo e 153 amostras foram analisadas prospectivamente com o intuito de validar a eficácia da aplicação. O Quadro 2 apresenta uma análise descritiva das amostras utilizadas no estudo retrospectivo e prospectivo.

Quadro 2 – Análise descritiva das amostras utilizadas no estudo retrospectivo e prospectivo

Variável	Retrospectivo				Prospectivo			
	Média	%	Desvio Padrão	%	Média	%	Desvio Padrão	%
Idade	53,3	-	23,8	-	55	-	24,3	-
	Masculino	%	Feminino	%	Masculino	%	Feminino	%
Sexo	153	25,12	456	74,88	33	21,57	120	78,43
Variável	ITU não complicada	%	ITU complicada	%	ITU não complicada	%	ITU complicada	%
Classificação da ITU	302	49,59	307	50,41	75	49,02	78	50,98
Variável	Não	%	Sim	%	Não	%	Sim	%
Repetição da ITU	449	73,73	160	26,27	117	76,47	36	23,53

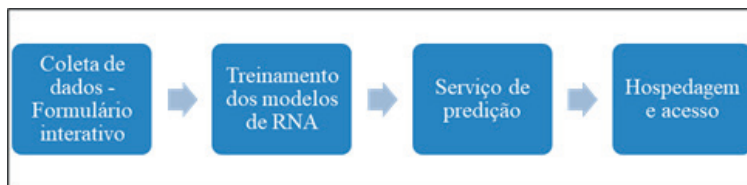
Variável	Retrospectivo				Prospectivo			
Variável	Não	%	Sim	%	Não	%	Sim	%
Hospitalização prévia	423	69,46	186	30,54	108	70,59	45	29,41
Permanência na UTI	550	90,31	59	9,69	142	92,81	11	7,19
Uso prévio de antibiótico	328	53,86	281	46,14	82	53,59	71	46,41
Cateter vesical	514	84,4	95	15,6	132	86,27	21	13,73
Doença Renal/Vesical estrutural	546	89,66	63	10,34	132	86,27	21	13,73
Casa de repouso	588	96,55	21	3,45	147	96,08	6	3,92
Insuficiência Renal	564	92,61	45	7,39	140	91,5	13	8,5
Cardiopatia	359	58,95	250	41,05	86	56,21	67	43,79
Hepatopatia	591	97,04	18	2,96	149	97,39	4	2,61
Diabetes	468	76,85	141	23,15	125	81,7	28	18,3
Ostomias	594	97,54	15	2,46	151	98,69	2	1,31
Demência	577	94,75	32	5,25	144	94,12	9	5,88
IST	603	99,01	6	0,99	153	100	0	0
Doença pulmonar crônica	555	91,13	54	8,87	139	90,85	14	9,15
Gestante	515	84,56	94	15,44	129	84,31	24	15,69

Fonte: Autores (2024).

2.3 DESENVOLVIMENTO DO APLICATIVO

Nessa etapa, realizou-se o desenvolvimento do site. O processo seguiu as etapas: coleta de dados, treinamento dos modelos, implementação de um serviço de predição e, por fim foi realizado a hospedagem e acesso do site conforme Figura 3.

Figura 3 – Etapas para o desenvolvimento do site



Fonte: Autores (2024).

a) Coleta de dados: A aplicação utiliza um formulário interativo, desenvolvido com o *framework* Next JS, para coletar os dados de entrada dos usuários. Os dados coletados referem-se as 22 variáveis que foram descritas no Quadro 1;

b) Treinamento dos modelos de RNA: O *backend* da aplicação treinou os modelos de RNA utilizando dados pré-existent sobre ESBL e CRE, com o auxílio do Python®. Os modelos treinados são armazenados em disco para futuras predições;

c) Serviço de Predição: Após o treinamento, os modelos foram acessados por uma *Application Programming Interface* (API) construída com o *framework* Flask, que processa os dados fornecidos pelo formulário e retorna as predições ao usuário;

d) Hospedagem e acesso: A aplicação foi hospedada no servidor gratuito Render, permitindo que ela fosse acessada por uma URL pública para testes e demonstrações do sistema de predição.

2.4 AVALIAÇÃO DA APLICAÇÃO PRÁTICA

Essa etapa teve como objetivo definir se a utilização de IA constituía uma técnica satisfatório no processo de identificação de infecções urinárias bacterianas para se implementar no ambiente de estudo. A aplicação para esta identificação será avaliada tanto em termos técnicos, do ponto de vista da Engenharia, quanto do ponto de vista de profissionais da saúde. Para avaliar a acurácia do modelo, foi calculada a curva característica de operação do receptor, do inglês *Reciever Operating Characteristic* (ROC), pois apresenta a relação entre a sensibilidade e a especificidade (Goodfellow; Bengio; Courville, 2016). Além disso, a RNA desenvolvida também foi testada em um estudo prospectivo com 20% do banco de dados obtido para validar a sua aplicação prática.

3 RESULTADOS

O modelo desenvolvido teve excelente poder preditivo e foi eficaz para prever ITUs causadas por bactérias CRE e ESBL. Para CRE, a sensibilidade, especificidade, valor preditivo positivo e valor preditivo negativo da rede foram de 89,2%, 98,4%, 78,6% e 99,3% respectivamente. A RNA CRE apresentou acurácia de 96,1%. A diferença entre o alvo e a saída do sistema não foi significativa, pois a precisão da RNA foi alta.

A curva ROC foi avaliada para a RNA, representando a taxa de verdadeiros positivos (TPR) em função da taxa de falsos positivos (FPR) para diferentes pontos de corte de probabilidade de classificação. A área sob a curva ROC (AUC) é uma medida da qualidade geral do modelo de classificação, onde valores próximos de 1 indicam alta capacidade discriminativa do modelo. A curva ROC para CRE ficou localizada no canto superior esquerdo do gráfico, próximo ao ponto [0,1], demonstrando um alto desempenho da rede, com AUC de 0,96.

Referente às ITU causadas por bactérias ESBL, o desempenho da rede neural também foi satisfatório. A sensibilidade da rede foi de 92,6%, a especificidade foi de 94,8%, o valor preditivo positivo foi de 69,2% e o valor preditivo negativo foi de 99,0%. A RNA proposta possuiu acurácia de 91,6%. A curva ROC ficou na parte superior esquerda do gráfico, próximo ao ponto [0,1], o que demonstra o alto desempenho da rede desenvolvida. A AUC para ESBL foi 0,98.

Após o desenvolvimento e treinamento da RNA, 20% do banco de dados, 153 amostras foram testadas na RNA criada para validar a efetividade dela. Para CRE a Tabela 1 apresenta os resultados obtidos prospectivamente.

Tabela 1 – Resultados estudo prospectivo RNA CRE

Parâmetro	Acertos	% de acertos	Erros	% de erros	Total de Amostras
Com CRE	2	28,6	5	71,4	7
Sem CRE	134	91,8	12	8,2	146
Total	136	88,9	17	11,1	153

Fonte: Autores (2024).

No estudo prospectivo para ITU causadas por bactérias CRE, o modelo apresentou acurácia satisfatória, 88,9%, entretanto acertou apenas 28,6% (2 casos) das 7 amostras positivas para CRE testadas. Já para amostras sem CRE, a RNA desenvolvida acertou 91,8% dos casos. Para ESBL a acurácia foi de 88,9%, conforme disposto na Tabela 2.

Tabela 2 – Resultados estudo prospectivo RNA ESBL

Parâmetro	Acertos	% de acertos	Erros	% de erros	Total de Amostras
Com ESBL	17	77,3	5	22,7	22
Sem ESBL	119	90,8	12	9,2	131
Total	136	88,9	17	11,1	153

Fonte: Autores (2024).

Das amostras positivas para ESBL, a RNA desenvolvida acertou 77,3% dos casos, correspondente a 17 acertos em 22 amostras. Com o intuito de facilitar a tomada de decisão por parte dos profissionais de saúde e validar aplicações futuras as RNA criadas para CRE e ESBL foram incorporadas a um site, onde o profissional da saúde pode registrar os dados do paciente e os fatores de risco, permitido que o sistema calculasse em tempo real a probabilidade de ser uma ITU causada por bactérias do tipo CRE ou ESBL. Na Figura 4 está disposta a página inicial do site desenvolvido e o resultado obtido após a inserção dos dados de entrada.

Figura 4 – Site desenvolvido

RNA para prever infecções do trato urinário causadas por bactérias multirresistentes

RNA desenvolvida para prever infecções do trato urinário (ITU) causadas por bactérias ESBL ou CRE visando auxiliar o médico na tomada de decisão.

Para calcular a probabilidade do paciente ter uma ITU por ESBL ou CRE, por favor preencha o formulário abaixo com os dados do paciente.

Gênero:

Selecione o gênero:

Masculino

Informe a idade:

Selecione a sua idade:

73

Uso prévio de Antibiótico:

Selecione:

Sim

Selecione o antibiótico:

Selecione o antibiótico:

Pipe-Tazo

Classificação da ITU:

Selecione:

ITU complicada

Repetição da ITU:

Selecione:

Sim

Hospitalização Prévia:

Selecione:

Sim

Permanência na UTI:

Selecione:

Não

Procedimento do trato genital:

Selecione:

Prostatectomia

Cateter vesical:

Selecione:

Sim

Doença Renal/Vesicoureteral:

Selecione:

Não

Casa de repouso:

Selecione:

Não

Insuficiência Renal (Cr>3):

Selecione:

Não

Cardiopatia:

Selecione:

Sim

Hepatopatia:

Selecione:

Não

Diabetes:

Selecione:

Não

Ostomias:

Selecione:

Não

Demência:

Selecione:

Não

DST:

Selecione:

Não

Doença pulmonar crônica:

Selecione:

Não

Gestante:

Selecione:

Não

Neoplasia:

Selecione:

Sim

LIMPAR SELEÇÃO

ENVIAR

Resultados:

Predição CRE: 99.21%

Predição ESBL: 38.50%

NOVA PREDIÇÃO

4 (a) Página inicial do site onde o profissional da área preenche todos os dados de entrada da RNA. Ao clicar em "enviar", os dados digitados serão enviados para a RNA desenvolvida.

4 (b) Após alguns segundos, na tela do site aparece o resultado da RNA com a probabilidade de o paciente ter ou não uma ITU causada por CRE ou ESBL.

Fonte: Autores (2024).

A Figura 4(a) apresenta a página inicial do site, onde o profissional de saúde insere os dados para a RNA. Após clicar em “enviar”, como mostrado na Figura 4(b), os dados são processados e o site retorna à probabilidade, de 0 a 100%, de o paciente ter uma ITU causada por bactérias CRE ou ESBL. Existem várias melhorias possíveis para o sistema à medida que ele ganha escala, principalmente na arquitetura e segurança, considerando o tratamento de dados sensíveis dos pacientes.

4 DISCUSSÃO

As ITU são problemas comuns em saúde pública, mas há limitações quanto aos métodos tradicionais de diagnóstico, o que exige melhorias nas ferramentas disponíveis para auxiliar na decisão de manejo clínico (Goździkiewicz *et al.*, 2022). A aplicação de IA para detecção precoce de ITU, especialmente de bactérias multirresistentes, tem mostrado grande potencial, embora ainda esteja em fase inicial de exploração. O modelo desenvolvido neste estudo, utilizando RNA, demonstrou eficácia na identificação de ITU causadas por bactérias ESBL ou CRE, e resultados promissores.

Estudos anteriores, como o de Tumbarello *et al.* (2011) buscaram encontrar metodologias para prever ESBL por meio de um sistema de pontuação baseado em regressão logística. O modelo desenvolvido teve uma AUC de 0,83 no conjunto de derivação, indicando que ele tem potencial para prever ESBL nas primeiras 48 horas de internação.

Há vários exemplos em que a utilização de RNA para prever ITU por bactérias multirresistentes se mostrou uma ferramenta útil, Zeng *et al.* (2024) relataram uma acurácia de 81,09% ao aplicar RNA para prever a resistência de *Klebsiella pneumoniae* aos carbapenêmicos, destacando o potencial das RNA em contextos variados. Cai *et al.* (2023) examinaram o uso de RNA para prever a eficácia de terapias antimicrobianas em infecções urinárias recorrentes. Com dados clínicos de 1043 mulheres, o modelo alcançou alta sensibilidade (87,8%) e especificidade (97,3%) na previsão de sucesso terapêutico. Esse estudo sugere que as RNA podem aprimorar o gerenciamento de infecções urinárias, guiando escolhas terapêuticas mais eficazes e personalizadas.

Outros estudos, como o de Ozkan *et al.* (2018), mostraram que as RNA superam outros algoritmos na predição de ITU, com acurácia de 98,3%, o que reforça os achados desta pesquisa. Chen *et al.* (2022) também demonstraram a superioridade das RNA em relação à regressão logística para prever ITU após cistoscopia. Esses resultados corroboram a eficácia das RNA observada neste estudo. Já Mancini *et al.* (2020) obtiveram resultados melhores com o algoritmo CatBoost (71,7%), sugerindo que a combinação de diferentes algoritmos pode melhorar a acurácia em contextos mais complexos.

Esse estudo contribui para preencher a lacuna sobre o uso de IA na previsão de resistência antimicrobiana em ITU causadas por ESBL e CRE, considerando uma gama mais ampla de variáveis clínicas. Futuros estudos com maiores conjuntos de dados e validação robusta serão importantes para generalizar os resultados. Conclui-se que a IA, em especial as RNA, são uma ferramenta promissora para o diagnóstico precoce de ITU causadas por bactérias resistentes, auxiliando na escolha de tratamentos mais adequados e personalizados. Parte superior do formulário Parte inferior do formulário

5 CONCLUSÃO

Esse estudo desenvolveu um software baseado em IA para prever ITU causadas por bactérias resistentes a antibióticos. A RNA mostrou excelente desempenho, com acurácia de 96,1% para infecções causadas por bactérias CRE e 91,6% para ESBL. O sistema conseguiu identificar 89,2% dos pacientes com probabilidade de desenvolver ITU por CRE e 92,6% por ESBL, permitindo um ajuste mais preciso no manejo clínico proposto aos pacientes, reduzindo o risco de resistência antimicrobiana. Assim, o estudo demonstrou que estratégias que envolvem RNA podem contribuir como ferramentas de auxílio a decisão em serviços de saúde, melhorando o tempo de resposta e manejo dos pacientes.

REFERÊNCIAS

- AKINSAL, E. C.; HAZNEDAR, B.; BAYDILLI, N.; KALINLI, A.; OZTURK, A.; EKMEKÇIOĞLU, O. Artificial Neural Network for the Prediction of Chromosomal Abnormalities in Azoospermic Males. **Urology Journal**, v. 15, n. 3, p. 122-125, 2018.
- ASLAM, B.; WANG, W.; ARSHAD, M. I.; KHURSHID, M.; MUZAMMIL, S.; RASOOL, M. H., *et al.* Antibiotic resistance: a rundown of a global crisis. **Infection and Drug Resistance**, v. 11, p. 1645-1658, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.2147/IDR.S173867>. Acesso em: 19 maio 2024.
- CHEN, T. J.; HSU, Y. H.; CHEN, C. H. Comparison of neural network and logistic regression analysis to predict the probability of urinary tract infection caused by cystoscopy. **BioMed Research International**, v. 2022, p. 5775447, 2022.
- FACELI, K.; LORENA, A. C.; GAMA, J.; CARVALHO, A. C. P. L. F. de. **Inteligência artificial: uma abordagem de aprendizagem de máquina**. Rio de Janeiro: LTC, 2011.
- FLORES-MIRELES, A. L.; WALKER, J. N.; CAPARON, M.; HULTGREN, S. J. Urinary tract infections: epidemiology, mechanisms of infection and treatment options. **Nature Reviews Microbiology**, v. 13, n. 5, p. 269-284, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nrmicro3432>. Acesso em: 19 maio 2024.
- FOXMAN, B. The epidemiology of urinary tract infection. **Nature Reviews Urology**, v. 7, n. 12, p. 653-660, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nrurol.2010.190>. Acesso em: 19 maio 2024.
- GÉRON, A. **Hands-on Machine Learning with Scikit-Learn, Keras & TensorFlow: Concepts, Tools, and Techniques to Build Intelligent Systems**. 2nd ed. O'Reilly Media, 2019.

GOODFELLOW, I.; BENGIO, Y.; COURVILLE, A. **Deep Learning**. 2016. Disponível em: <https://www.deeplearningbook.org/contents/numerical.html>. Acesso em: 19 maio 2024.

GOŹDZIKIEWICZ, N.; ZWOLIŃSKA, D.; POLAK-JONKISZ, D. The use of artificial intelligence algorithms in the diagnosis of urinary tract infections – A literature review. **Journal of Clinical Medicine**, v. 11, n. 10, p. 2734, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/jcm11102734>. Acesso em: 19 maio 2024.

HAYKIN, S. **Redes neurais: princípios e prática**. 2. ed. Porto Alegre: Bookman, 2001.

HUEMER, M.; MAIRPADY SHAMBAT, S.; BRUGGER, S. D.; ZINKERNAGEL, A. S. Antibiotic resistance and persistence – Implications for human health and treatment perspectives. **EMBO Reports**, v. 21, n. 12, p. e51034, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.15252/embr.202051034>. Acesso em: 19 maio 2024.

JAHEDI, A.; SALEHI, M.; GOLTAPPEH, E. M.; SAFAIE, N. Multilayer perceptron-genetic algorithm as a promising tool for modeling cultivation substrate of *Auricularia cornea* Native to Iran. **PLOS ONE**, v. 18, n. 2, p. e0281982, 2023.

JOHNSON, J. M.; KHOSHGOFTAAR, T. M. Survey on deep learning with class imbalance. **Journal of Big Data**, v. 6, n. 1, p. 27, 2019.

KAUR, H.; PANNU, H. S.; MALHI, A. K. A Systematic Review on Imbalanced Data Challenges in Machine Learning: Applications and Solutions. **ACM Computing Surveys**, v. 52, n. 4, p. 1-36, 2020.

MANCINI, A.; VITO, L.; MARCELLI, E.; PIANGERELLI, M.; DE LEONE, R.; PUCCIARELLI, S. *et al.* Machine learning models predicting multidrug resistant urinary tract infections using “DsaaS”. **BMC Bioinformatics**, v. 21, Suppl 10, p. 347, 2020.

OZKAN, I. A.; KOKLU, M.; SERT, I. U. Diagnosis of urinary tract infection based on artificial intelligence methods. **Computers in Biology and Medicine**, v. 166, p. 51-59, 2018.

PAN, H.; YE, Z.; HE, Q.; YAN, C.; YUAN, J.; LAI, X. *et al.* Discrete Missing Data Imputation Using Multi-layer Perceptron and Momentum Gradient Descent. **Sensors**, v. 22, n. 15, p. 5645, 2022.

PEDREGOSA, F.; VAROQUAUX, G.; GRAMFORT, A.; MICHEL, V.; THIRION, B.; GRISEL, O. *et al.* Scikit-learn: Machine Learning in Python. **Journal of Machine Learning Research**, v. 12, p. 2825-2830, 2011.

SALEHI, M.; FARHADI, S.; MOIENI, A.; SAFAIE, N.; AHMADI, H. Mathematical Modeling of Growth and Paclitaxel Biosynthesis in *Corylus avellana* Cell Culture Responding to Fungal Elicitors Using Multilayer Perceptron-Genetic Algorithm. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 1148, 2020.

SINGH, D.; SINGH, B. Investigating the impact of data normalization on classification performance. **Applied Soft Computing**, v. 97, p. 105524, 2020.

TUMBARELLO, Mario; TRECARCHI, Enrico Maria; BASSETTI, Matteo; ROSA, Francesco Giuseppe de; SPANU, Teresa; MECO, Eugenia di; LOSITO, Angela Raffaella; PARISINI, Andrea; PAGANI, Nicole; CAUDA, Roberto. Identifying Patients Harboring Extended-Spectrum--Lactamase-Producing Enterobacteriaceae on Hospital Admission: derivation and validation of a scoring system. **Antimicrobial Agents And Chemotherapy**, v. 55, n. 7, p. 3485-3490, jul. 2011. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/aac.00009-11>. Acesso em: 19 maio 2024.

YAN, J.; WANG, X.; CAI, J.; QIN, Q.; YANG, H.; WANG, Q. *et al.* Medical image segmentation model based on triple gate Multilayer perceptron. **Scientific Reports**, v. 12, p. 6103, 2022.

YANG, Xiaorong; CHEN, Hui; ZHENG, Yue; QU, Sifeng; WANG, Hao; YI, Fan. Disease burden and long-term trends of urinary tract infections: a worldwide report. **Frontiers In Public Health**, v. 10, 27 jul. 2022.

ZENG, B.; LIU, P.; WU, X.; ZHENG, F.; JIANG, J.; ZHANG, Y. *et al.* Comparison of ANN and LR models for predicting *Carbapenem-resistant Klebsiella pneumoniae* isolates from a southern province of China's RNSS data. **Journal of Global Antimicrobial Resistance**, v. 36, p. 453-459, 2024.

1 Mestra em Ciências da Saúde, Universidade de Caxias do Sul – UCS; Graduada em Engenharia de Produção – UCS (2019); Experiência na área de Engenharia de Produção, com ênfase em Pesquisa Operacional, otimização, Inteligência Artificial e Gestão de Projetos.
E-mail: brunac.orlandin@gmail.com

2 Doutor, Universidade de Caxias do Sul (2023); Mestre em Pesquisa Clínica em Doenças Infecciosas – INI-Fiocruz (2015); Pós-graduado em Medicina do Trabalho pela Universidade Estácio de Sá (2011); Especialista em Infectologia pela Sociedade Brasileira de Infectologia (2019); Médico, Universidade Gama Filho (2005); Residência Médica em Infectologia no Hospital Naval Marcílio Dias (2011); Diretoria da Sociedade de Infectologia do Estado do Rio de Janeiro (SIERJ 2017-2020); Diretoria da Associação de Estudos em Controle de Infecção Hospitalar do Estado do Rio de Janeiro – AECIHERJ (2017-2018).
E-mail: rodrigolinsmd@gmail.com

3 Doctor degree (2008) on Biotechnology (Microbiology) at Caxias do Sul University; M.D. degree from the Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre – UFCS-PA (1997); Master degree (2003); Post-graduation in Medical Auditor at Gama Filho University-RJ (2004); Residency in Infectious Diseases, Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre – Complexo Hospitalar Santa Casa de Porto Alegre (2000); Advanced Course of Vaccinology at Fondation Mérieux Université de Genève (2013); Hospital Epidemiology and Infection Control at Brazilian Society of Infectious Diseases (2017).
E-mail: lessandra.michelim@ucs.br

4 Doutor e mestra em Engenharia com foco em otimização pela Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); Pós-doutora na Monash University, Austrália, na área de Otimização e pós-doutora na Naval Postgraduate School, Califórnia, EUA, em Otimização Global considerando incertezas; Graduou-se em Engenharia Mecânica, Universidade de Caxias do Sul (UCS); Atua como pesquisador e professor nas áreas de Otimização; Professor na pós-graduação em Computação Aplicada, Engenharia Mecânica, Ciências da Saúde na UCS. E-mail: llcorso@ucs.br

Recebido em: 13 de Novembro de 2024

Avaliado em: 14 de Abril de 2025

Aceito em: 2 de Maio de 2025



A autenticidade desse artigo pode ser conferida no site <https://periodicos.set.edu.br>

Copyright (c) 2025 Revista Interfaces Científicas - Humanas e Sociais



Este trabalho está licenciado sob uma licença Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License.