

تأثیر هوش مصنوعی بر کاهش گسترش بیماری‌های واگیردار

محمد مراد اسفندیاری گله، مسعود راعی، علیرضا انصاری مهباری^۲

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۲/۲۵

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۹/۱۷

چکیده:

در دنیای امروز، هوش مصنوعی به سرعت در حال پیشرفت بوده و در بسیاری از جنبه‌های زندگی انسانها حضور پیدا کرده که یکی از این جنبه‌ها، مبحث سلامت و پیشگیری می‌باشد. زمانی که کرونا تمام دنیا را درگیر خود کرد، دولتها و سازمانهای بین‌المللی به فکر افتادند تا در زمینه بیماریهای واگیردار بتوانند یک برنامه جامع داشته باشند تا بتوانند از شیوع سریع و گسترده بیماریهایی مانند کرونا جلوگیری و در صورت بروز این دسته از بیماریها آن را مدیریت و کنترل نمایند. در این زمینه هوش مصنوعی پتانسیل زیادی برای تسریع تحقیقات تصویربرداری بیماری‌های عفونی و بهبود مراقبت‌های بالینی نشان داده است. در این پژوهش با استفاده از روش توصیفی تحلیلی، موضوع تأثیر هوش مصنوعی بر کاهش گسترش بیماری‌های واگیردار بررسی می‌شود. نتایج نشان می‌دهد که بیماری‌های عفونی مانند آنفولانزای اسپانیایی، سل، ابولا، سارس، آنفولانزا و کرونا برخی از علل اصلی مرگ و میر در سراسر جهان به ویژه در کشورهای کم درآمد علیرغم پیشرفت در پزشکی بوده‌اند. در حالی که دولتها در سراسر جهان با مقامات محلی و متخصصان مراقبت‌های بهداشتی برای نظارت، واکنش و کاهش سرعت شیوع بیماری‌های عفونی همکاری می‌کنند، کارشناسان بهداشت از مدل‌سازی پیش‌بینی‌کننده برای بهبود مداخلات فعلی برای جلوگیری از عفونت‌های بیشتر استفاده می‌کنند.

واژگان اصلی: هوش مصنوعی، بیماریهای واگیردار، پیشگیری و کنترل بیماریها، ویروس کرونا، بیماریهای عفونی.

۱. دانشجوی دکتری گروه حقوق، واحد نجف آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، نجف آباد، ایران

۲. استاد گروه حقوق، واحد نجف آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، نجف آباد، ایران (نویسنده مسئول) masoudraei@yahoo.com

۳. استادیار گروه حقوق، واحد نجف آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، نجف آباد، ایران

مقدمه

بیماری‌های عفونی توسط میکروارگانیسم‌های متعلق به کلاس باکتری‌ها، ویروس‌ها، قارچ‌ها یا انگل‌ها ایجاد می‌شوند. این پاتوژن‌ها به طور مستقیم یا غیرمستقیم منتقل می‌شوند و می‌توانند منجر به اپیدمی یا حتی بیماری‌های همه گیر شوند. عفونت حاصل ممکن است به علائم خفیف تا شدید مانند تب یا اسهال منجر شود. بیماری‌های عفونی ممکن است در برخی افراد بدون علامت باشند، اما ممکن است در برخی دیگر منجر به اثرات فاجعه‌بار شوند. علیرغم پیشرفت‌های پزشکی، بیماری‌های عفونی عامل اصلی مرگ و میر در سراسر جهان، به ویژه در کشورهای کم درآمد هستند. هوش مصنوعی یک ابزار ضروری در تجارت، جامعه و مراقبت‌های بهداشتی امروزی است که در آن تعادل حیاتی بین جنبه‌های مراقبت از بیمار، فرآیندهای اداری و سازمان‌های دارویی حفظ می‌شود. با ظهور ابزارهای برنامه نویسی، دانشمندان اکنون قادر به پیش‌بینی بهتر اپیدمی‌ها، درک ویژگی هر پاتوژن و شناسایی اهداف بالقوه برای تولید دارو هستند. مفهوم هوش مصنوعی در سال ۱۹۵۶ آغاز شد و شامل عوامل هوشمند یا دستگاه‌هایی است که محیط را تجزیه و تحلیل می‌کنند و برای تقویت فرآیندها انجام می‌دهند. بنابراین، این هوشی است که توسط ماشین‌هایی که هوش انسانی را تقلید و تقویت می‌کنند نشان می‌دهند. یکی از مباحث مهم در زمینه هوش مصنوعی این می‌باشد که تا چه میزانی فناوری هوش مصنوعی در کنترل بیماری‌های واگیردار به انسان‌ها کمک می‌کند و می‌تواند موثر باشد؟ هوش مصنوعی و اجزای آن به دلیل توانایی آنها در تشخیص بهتر انواع خاصی از بیماری‌های واگیردار از طریق داده‌های تصویربرداری به طور گسترده منتشر شده است. هوش مصنوعی فرآیندی است برای جمع‌آوری داده‌ها و به دنبال آن تفسیر و یادگیری آن برای دستیابی به نتیجه مطلوب. بیماری‌های عفونی توسط میکروارگانیسم‌های بیماری‌زا مانند باکتری‌ها، ویروس‌ها، انگل‌ها یا قارچ‌ها ایجاد می‌شوند. این بیماری‌ها می‌توانند علامت‌دار یا بدون علامت باشند (چو و همکاران، ۲۰۲۳: ۶۵). جهان هرگز برای همه‌گیری‌های جهانی مانند کووید-۱۹ آماده نبوده است، که در حال حاضر تهدیدی عظیم برای عموم است و فشار مداوم بر سیستم‌های بهداشت جهانی برای هدایت ابزارها، تجهیزات، داروها و رویکردهای فنی بهینه‌شده برای به تاخیر انداختن شیوع عفونت ایجاد می‌کند. نتیجه هم‌افزایی پارادایم‌های هوش مصنوعی و اقدامات کنترل انسان محور تأثیر قابل توجهی بر غربالگری،

¹ Chu et al

تجزیه و تحلیل، پیش بینی و ردیابی افراد آلوده فعلی و احتمالاً بیماران آینده دارد. هوش مصنوعی با دقت و صحت، داده‌های بین‌المللی و ملی منظم در مورد موارد تایید شده، بهبود یافته و مرگ و میر، به عنوان وضعیت فعلی، آماری بالغ بر ۳/۸۲۰/۸۶۹ بیمار مبتلا در سراسر جهان، ارائه نموده است. هوش مصنوعی یک مفهوم خط مقدم است که ارائه با دسترسی به داده‌ها و آمارها و شیوه تشخیص و شناسایی بیماریها سبب ایجاد یک صرفه‌جویی و مقرون‌به‌صرفه و سازنده به مدیریت بیماری، ارائه نتایج مثبت در کمک به پزشک در شرایط بار کاری بالا، تصویربرداری رادیولوژی، توموگرافی محاسباتی و فرمول‌بندی پایگاه داده، برای تسهیل در دسترس بودن اطلاعات در دسترس محققان در سراسر جهان گردیده است (کورتا و همکاران، ۲۰۱۸: ۲۳). در بسیاری از پارادایم‌های مراقبت‌های بهداشتی، هوش مصنوعی در تشخیص بیماری‌ها مانند مؤلفه‌های هوش مصنوعی، عملکرد بهتر از رادیولوژیست‌ها در شناسایی تومورهای بدخیم و همچنین کمک به محققان در فرمول‌بندی گروه‌ها در آزمایش‌های بالینی پرهزینه در نظر گرفته می‌شود. پس می‌توان عنوان نمود که هوش مصنوعی در زمان حاضر یک ابزار مهم و بسیار کارآمد برای کنترل بیماری‌های واگیردار می‌باشد. هوش مصنوعی از فرآیندهای یادگیری نظارت شده و بدون نظارت استفاده می‌کند، که در آن اولی فرآیند آموزش و آزمایش است و برای پیش بینی نمونه داده‌های جدید استفاده می‌شود، در حالی که دومی یک فرآیند یادگیری از نمونه داده‌ها بدون نظارت است. این مجموعه‌ای از یادگیری چندگانه (شبکه‌های عصبی و یادگیری عمیق)، پردازش زبان طبیعی، سیستم‌های خبره مبتنی بر قوانین، رباتیک و غیره است که جنبه‌های اساسی هوش مصنوعی هستند.

۱- تاریخچه بیماریهای عفونی و شیوع کرونا در دنیا

بیماری‌های عفونی توسط میکروارگانیزم‌های بیماری‌زا مانند باکتری‌ها، ویروس‌ها، انگل‌ها یا قارچ‌ها ایجاد می‌شوند. این بیماری‌ها می‌توانند علامت‌دار یا بدون علامت باشند. برخی از بیماری‌های عفونی مانند ویروس نقص ایمنی انسانی می‌توانند نسبتاً بدون علامت باشند، اما در صورت عدم کنترل، پس از چند سال می‌توانند منجر به عواقب فاجعه‌بار شوند. گسترش بیماری‌های عفونی از میکروارگانیزم‌ها به میکروارگانیزم‌ها متفاوت است. به عنوان مثال، ویروس‌های

¹ Correa et al

² HIV

خاصی مانند ویروس نقص ایمنی انسانی تنها با تماس فیزیکی نزدیک (انتقال جنسی یا تماس خونی) منتقل می‌شوند، در حالی که عفونت ویروس آنفولانزا از طریق قطرات منتشر شده به دنبال عطسه، سرفه یا صحبت کردن، در فاصله چند متری منتقل می‌شود. بیماری‌های زئونوز بیماری‌های عفونی حیوانات هستند که در صورت انتقال به انسان می‌توانند باعث بیماری شوند (وانگ و همکاران، ۲۰۱۶: ۲۱۸). در قرن بیستم بیماری‌های عفونی مسئول بیشترین مرگ و میر زودرس و ناتوانی در سراسر جهان بودند. آنفلوانزای اسپانیایی در اوایل قرن گذشته رخ داد. تخمین زده می‌شود که یک سوم جمعیت جهان (۵۰۰ میلیون نفر) در طول همه‌گیری ۱۹۱۸-۱۹۱۹ به این بیماری مبتلا شده و دارای علائم هستند. این بیماری یکی از کشنده‌ترین بیماری‌های همه‌گیر آنفلوانزا بود. تخمین زده می‌شود که حداقل ۵۰ میلیون نفر به دنبال عفونت جان خود را از دست داده‌اند. تأثیر این بیماری همه‌گیر به ربع اول قرن بیستم محدود نشد زیرا تقریباً تمام موارد آنفلوانزای نوع آتوسط نسخه‌های جهش یافته ویروس ۱۹۱۸ ایجاد می‌شد؛ همه‌گیری آنفلوانزای ۱۹۱۸ در طول جنگ جهانی اول اتفاق افتاد، جایی که نزدیکی، بهداشت بد، و جابجایی غیرمعمول توده‌های (نیروها و جمعیت) به گسترش ویروس کمک کرد، حتی ایالات متحده با وجود مسافت، بیش از ۶۰۰۰۰۰ کشته در کشورش گزارش کرده است (ایور و همکاران، ۲۰۱۷: ۴۸). بسیاری از کشورهای درگیر در جنگ در زمینه ارائه آمار تلفات ناشی از آنفلوانزا «ناتوان» بودند و این موضوع عمداً به منظور حفظ روحیه عمومی مسکوت ماند، در حالی که این را می‌توان از جنبه نظامی درک کرد، اما پیامدهای مرگباری دارد زیرا ویروس در امواج دیگر وارد می‌شود. در آن زمان هنوز ویروس‌ها شناخته نشده بودند و تشخیص، پیشگیری و درمان بسیار محدود بود. به این ترتیب، افراد از خود ویروس آنفلوانزا (بیماری آنفلوانزا) و پیامدهای آن مانند عفونت ریه توسط باکتری (پنومونی) در افراد مستعد رنج می‌برند. این موضوع نشان می‌دهد که چگونه ارتباطات ضعیف و استفاده نادرست از داده‌های بیماری‌های همه‌گیر می‌تواند بر زندگی میلیون‌ها نفر تأثیر بگذارد. از آن زمان، پیشرفت‌هایی در جهت پیگیری همه‌گیری‌های آنفلوانزای نوع انجام شده است.

از سال ۱۹۵۲، سیستم نظارت و پاسخ جهانی آنفلوانزای سازمان جهانی بهداشت تکامل

¹ Wang et al

² Iver et al

³ World Health Organization's Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS)

ویروس‌های آنفولانزا را زیر نظر گرفته است. همچنین به عنوان یک مکانیسم هشدار جهانی برای ویروس‌های نوظهور با پتانسیل همه گیر، همانطور که در سال ۱۹۱۸ مشاهده شد، عمل می کند. آنفولانزا تنها یکی از همه گیری های مختلفی است که از آن عبور شده است، در واقع، علاوه بر آنفولانزا، آبله، سل و وبا تهدیدی دائمی هستند. بهبود شرایط بهداشتی و کمپین های واکسیناسیون ابزار بسیار موثری برای کاهش شیوع عفونت ها بوده است. موارد مختلفی از شیوع ویروسی وجود دارد، به عنوان مثال، پیگیری مداوم موارد فلج اطفال وجود دارد زیرا سه کشور هنوز مواردی را گزارش می کنند در حالی که سازمان بهداشت جهانی مأموریت دارد آن را به طور کامل ریشه کن کند. قرن بیست و یکم قبلاً شاهد ظهور بیماری های عفونی همه گیر مانند سارس (سندرم تنفسی حاد شدید)، مرس (سندرم تنفسی خاورمیانه)، ابولا و ویروس های زیکا بوده است. با کنترل عفونت ها، می توان مرگ زودرس و همچنین بیماری های ناشی از عفونت مانند سیروز (هپاتیت ب)، سرطان کبد (هپاتیت سی)، سرطان معده (هلیکوباکتر پیلوری) یا بدتر شدن شرایطی مانند بیماری های قلبی عروقی و تنفسی (آنفولانزای نوع آ) را کاهش داد. در دسامبر ۲۰۱۹، کووید-۱۹ به هوبی، چین رسید و بسیاری از موارد ذات‌الریه با علت ناشناخته در برخی از بیمارستان‌های ووهان یافت شد (های و همکاران، ۲۰۱۹: ۲۰۱). این بیماری همه گیر پس از آن میلیون ها نفر را آلوده کرده است که در نهایت به عنوان یک عفونت حاد تنفسی ناشی از عفونت جدید کروناویروس ۲۰۱۹ تایید شد. در ۱۱ فوریه ۲۰۲۰، سازمان بهداشت جهانی آن را کووید-۱۹ نامید و مبارزه با آن در سراسر جهان آغاز شد. این بیماری یک بیماری عفونی بسیار مسری و بسیار بیماری زا است که ممکن است انواع مختلفی از بیماری را از خفیف تا شدید ایجاد کند. به عنوان مثال، می تواند بیماری خفیف تنفسی خود محدود شونده را به ذات الریه شدید منتقل کند و حتی باعث نارسایی چند عضو یا مرگ شود. تا ۲۳ سپتامبر ۲۰۲۱، ۲۳۰،۷۷۳،۹۶۵ سویه های کووید-۱۹ در سراسر جهان وجود داشته است، تعداد سویه های تایید شده کووید-۱۹ همچنان در حال افزایش است. از آنجایی که همیشه نمی توان برای تولید سریع واکسن ها یا سایر درمان ها به دارو تکیه نمود، بهترین پیشگیری، تشخیص زودهنگام همه گیری های احتمالی و توقف انتقال است. با مسدود کردن انتقال، در نهایت می توان جهش ویروس ها را نیز کاهش داد و در نتیجه ویروس را

¹ MERS

² Hay et al

در مرحله‌ای نگه داشت که واکسن‌ها می‌توانند به مبارزه با آن کمک کنند.

۲- هوش مصنوعی در مراقبت‌های بهداشتی

عنوان یکی از رایج‌ترین اشکال هوش مصنوعی، یادگیری ماشینی یک رویکرد آماری برای تطبیق و آموزش مدل‌ها با داده‌ها برای پیگیری یادگیری است. بر اساس نظرسنجی دیلویت^۱ در سال ۲۰۱۸ از ۱۱۰۰ مدیر آمریکایی با سازمان‌های استخدام‌کننده هوش مصنوعی، حدود ۶۳٪ از شرکت‌ها از یادگیری ماشینی در تجارت خود استفاده می‌کردند. پزشکی دقیق یکی از جنبه‌های رایج یادگیری ماشینی در رژیم‌های مراقبت‌های بهداشتی است که با پیش‌بینی موفقیت پروتکل درمانی در بیمار، بر اساس ویژگی‌های بیمار و ملاحظات درمانی سروکار دارد. بیشتر پارامترهای یادگیری ماشینی و پزشکی دقیق به مجموعه داده‌های آموزشی متکی هستند که برای مشخص شدن نتیجه، برای مثال شروع بیماری، نیاز دارد. این موضوع به عنوان یادگیری نظارت‌شده نامیده می‌شود. یکی دیگر از پارامترهای پیچیده یادگیری ماشینی، فناوری شبکه عصبی است که از دهه‌ها قبل در سیستم‌های مراقبت‌های بهداشتی رایج بوده است و بر اساس پردازش سیگنال‌های عصبی، تعیین می‌کند که آیا بیمار به بیماری خاصی مبتلا می‌شود یا خیر (فرالی و همکاران، ۲۰۱۶: ۶۹). مدل‌های یادگیری عمیق و شبکه عصبی پارامترهای حیاتی یادگیری ماشینی هستند که ممکن است دارای تعدادی متغیر پنهان باشند که توسط واحدهای پردازش گرافیکی و معماری‌های ابری قابل دسترسی هستند. یادگیری عمیق کاربردهای حیاتی در رادیولوژی سرطان، رادیومیک و شناسایی داده‌های بالینی قابل توجه دارد که فراتر از آن چیزی است که چشم انسان می‌تواند درک کند. ارتباط یادگیری عمیق و رادیومیک کاربردهای اساسی در تشخیص دارد و بر نسل قبلی ابزار تجزیه و تحلیل تصویر، مانند تشخیص به کمک کامپیوتر، غلبه کرده است (چوی^۳ و همکاران، ۲۰۱۵: ۴۷). نقش مهم دیگر یادگیری عمیق شامل توانایی تشخیص گفتار است، مانند پردازش زبان طبیعی، که شامل ترجمه و پردازش متن، ایجاد، طبقه‌بندی و درک تحقیقات منتشر شده، اسناد بالینی و سایر عملکردهای مرتبط با زبان است. پردازش زبان طبیعی جنبه مهمی از هوش مصنوعی است که با تجزیه و تحلیل زبان انسان سر و کار دارد که از دهه ۱۹۵۰ هدف محققان هوش

¹ Deloitte

² Fraley et al

³ Choi et al

مصنوعی بوده است. پردازش زبان طبیعی از دو جزء اصلی تشکیل شده است: آماری و معنایی، که در آن اولی مبتنی بر یادگیری ماشین، یادگیری عمیق و شبکه‌های عصبی است که برای یادگیری به تعداد زیادی زبان نیاز دارد. این زبان همچنین قادر به تهیه تجزیه و تحلیل بالینی و گزارش‌های رادیولوژی بیماران و همچنین تفسیر تعاملات بیمار است.

سیستم‌های خبره، در یک سازمان، مجموعه‌ای از قوانین طراحی شده توسط متخصصان انسانی و متخصصان در یک قلمرو دانش خاص، برای تسهیل رفتار روان و پارامترهای پشتیبانی کننده تصمیم بالینی است. با این حال، مشکلات زمانی به وجود می‌آیند که به دلیل تغییر در معیارهای دانش، تعداد زیادی از قوانین فرموله می‌شوند و تمایل به شکستن دارند، در نتیجه باعث ایجاد مشکل و زمان در تغییر قوانین می‌شود، که می‌توان با اتخاذ رویکردهای قابل اعتماد، مبتنی بر یادگیری ماشینی و الگوریتم‌های یادگیری عمیق، بر آن غلبه کرد. علاوه بر این، رباتیک نیز به عنوان یکی از اجزای جدایی ناپذیر هوش مصنوعی در سال‌های گذشته با نقش‌های متعددی در رژیم‌های مراقبت‌های بهداشتی، با انجام وظایف از پیش تعریف شده در صنایع و بیمارستان‌ها، به‌عنوان ربات‌های جراحی، که در سال ۲۰۰۰ تایید شد، ظهور کرده است. ایالات متحده آمریکا، برای گنجاندن توانایی جراحان در ماشین‌ها برای انجام روش‌های جراحی، در حال حاضر در جراحی زنان، پروستات، و جراحی سر و گردن مشاهده شده است (بل^۱ و همکاران، ۲۰۱۸: ۹۹).

تشخیص و درمان رویکردهای اساسی هستند که توسط مؤلفه‌های هوش مصنوعی مورد هدف قرار می‌گیرند، همانطور که توسط دانشگاه استنفورد توسعه یافته، مشهود است که نتایج قابل توجهی را در تشخیص و درمان عفونت‌های باکتریایی متقله از خون نشان می‌دهد. آی. بی. ام. واتسون اخیراً به دلیل پتانسیل خود در تشخیص و درمان سرطان توجه رسانه‌ها را به خود جلب کرده است (آگری و لاربی^۲، ۲۰۲۰: ۴۱۹). بسیاری از شرکت‌های فناوری و استارت‌آپ‌ها شروع به رسیدگی به هوش مصنوعی و ارائه مسائل مرتبط با آن کرده‌اند، مانند همکاری گوگل با شبکه مراقبت‌های بهداشتی برای ایجاد پیش‌بینی‌هایی برای هشدار به پزشکان در مورد شرایط پرخطر. به طور مشابه، مفهومی از ماشین خدمات بالینی^۴ ارائه شده است که بیماران پرخطر و کسانی که

¹ Belle et al

² IBM Watson

³ Agrebi, Larbi

⁴ clinical services machine

گزینه های درمانی گران قیمت هستند را شناسایی می کند. سیستم های تفسیری مبتنی بر هوش مصنوعی مختلف توسط گوگل، ایلای و دیگر استارت آپ ها توسعه داده شده است.

۱-۲- هوش مصنوعی در تشخیص بیماری های واگیردار

اخیراً با توسعه فناوری رایانه، تفسیر هوش مصنوعی تصاویر پزشکی می تواند به پزشکان در شناسایی و تشخیص انواع بیماری ها و تعیین مناطق آسیب دیده کمک کند. از آنجایی که کرونا ویروس به طور مداوم جهان را ویران می کند، محققان از تصاویر پزشکی (مانند عکس های اشعه ایکس قفسه سینه و تصاویر سی تی اسکن) به عنوان ابزار اصلی برای تشخیص کرونا ویروس استفاده می کنند. در میان ابزارهای تحلیلی موجود، هوش مصنوعی به عنوان قدرتمندترین و امیدوارکننده ترین برای بشر شناخته شده است. هوش مصنوعی یک خروجی برای منبع ورودی است: داده های بزرگی که باید دسته بندی، ساختارمند و یکپارچه شوند. آنچه را که به عنوان کلان داده یاد می شود را می توان با حجم، سرعت، تنوع، تغییرپذیری، صحت و پیچیدگی تعریف کرد. این اصطلاحات به ترتیب به میزان داده، سرعت ورود و خروج داده ها، محدوده انواع داده ها و منابع و دقت و صحت اشاره دارد (بلاسکو و همکاران، ۲۰۱۷: ۹۲۱). با این حال، بیشتر حجم و سرعت داده ها در مراقبت های بهداشتی تا امروز به اندازه کافی بالا نیست که به داده های بزرگ نیاز داشته باشد. اکثر مطالعات مرتبط با سلامت به حمایت دانشمندان داده نیاز ندارند، بلکه به حمایت بیوانفورماتیکان و آماردانان نیاز دارند. تشخیص سیگنال های ضعیف، شناسایی زود هنگام روندها را قبل از اینکه مهم و مهم شوند، ممکن می سازد. این موضوع در زمینه امنیت سایبری بسیار مورد استفاده قرار می گیرد. مجموعه های مختلفی از داده ها برای پیش بینی اپیدمی های بیماری های عفونی به زیبایی استفاده شده اند.

مشکل بیماری های عفونی، غیرقابل پیش بینی بودن آن ها و همچنین عوامل متعددی است که بر روند عفونت و انتقال تاثیر می گذارد. هوش مصنوعی شکلی از محاسبات است که به ماشین ها اجازه می دهد تا با انجام عملکردهای شناختی، مشابه روشی که انسان ها انجام می دهند، نسبت به ورودی عمل یا واکنش نشان دهند؛ برعکس، محاسبات سنتی نیز به داده ها واکنش نشان می دهند، اما خروجی لزوماً برای واکنش به این روش کدگذاری شده است در این زمینه هیچ

¹ Enlitie

² Blasco et al

عملکرد شناختی انجام نمی شود، زیرا هوش مستقلی وجود ندارد. اگر با یک موقعیت غیرمنتظره مواجه شود، محاسبات سنتی نمی تواند واکنش نشان دهد. به طور خلاصه، پلتفرم‌های هوش مصنوعی دائماً رفتار خود را با تغییرات تطبیق می‌دهند و واکنش‌های خود را بر این اساس اصلاح می‌کنند. در رویکرد هوش مصنوعی، ماشین‌ها برای تجزیه و تحلیل، تفسیر و حل یک مشکل طراحی شده‌اند. در یکی از برنامه‌های پیشرو خود، یادگیری ماشین، کامپیوتر یک بار یاد می‌گیرد که چگونه به یک نتیجه خاص عمل کند یا واکنش نشان دهد و در آینده می‌داند که به همان روش عمل کند (کولوبری^۱ و همکاران، ۲۰۱۶: ۹۹). گزارش‌های اخیر ارزش افزوده یادگیری ماشینی را برای پردازش تصویر نشان داده‌اند، جایی که ابزارهای کلاسیک نمی‌توانند علائم اولیه بیماری‌ها را شناسایی کنند. این موضوع به ویژه در مورد سرطان صادق است. که تشخیص و درمان اغلب با رویکردهای هوش مصنوعی کمک می‌کند. حتی در کشورهای در حال توسعه که منابع، هزینه مراقبت‌های بهداشتی و سایر محدودیت‌ها از ارائه مراقبت بهینه جلوگیری می‌کند، این امر قابل اجرا می‌باشد. گروهی اخیراً امکان ایجاد یک نقطه مراقبت کم هزینه برای تشخیص نفوم را بر اساس تصویربرداری اولیه و یادگیری عمیق نشان داده‌اند. چندین گزارش استفاده از شبکه بیزی^۲ را برای نشان دادن وابستگی‌های آماری پیشنهاد کردند. شبکه بیزی یک مدل مبتنی بر نمودار از توزیع‌های احتمال چند متغیره مشترک است که ویژگی‌های استقلال شرطی بین متغیرها را نشان می‌دهد.

در عصر زیست‌شناسی سیستم‌ها و پزشکی شخصی، توسعه تحلیل‌های مناسب در حال رشد است. دسته جدیدی از داده‌ها، که اغلب به عنوان داده‌های تفریحی نامیده می‌شوند، در زمینه مراقبت‌های بهداشتی بیشتر و بیشتر مرتبط خواهند شد: اینترنت اشیا^۳، اینترنت اشیا یک شبکه رو به رشد از دستگاه‌ها و اشیا است که ما در زندگی روزمره خود از آنها استفاده می‌کنیم و می‌تواند اطلاعات را جمع‌آوری کنند. تلفن‌های هوشمند با برنامه‌های کاربردی و پوشیدنی‌های متعدد خود نمونه‌ای از دستگاه‌هایی هستند که جریان‌های مداوم داده‌ها را تولید می‌کنند و می‌توان از آن برای درک بهتر سبک زندگی افراد استفاده کرد. تخمین زده می‌شود که بیش از ۷ میلیارد

¹ Colubri et al

² Bayesian network

³ Internet of things (IoT)

دستگاه متصل در حال حاضر در سراسر جهان در حال استفاده هستند و استفاده از آنها می تواند احتمال بهبود زندگی انسانها را افزایش دهد. چنین مجموعه داده ها و مجموعه داده های کلاسیک مراقبت های بهداشتی برای درک بهتر بیماری های عفونی، مکانیسم های عفونت، مقاومت در برابر درمان، انتقال و همچنین برای بهبود طراحی واکسن استفاده می شود.

۳- تشخیص بیماریها، بهبود یافتگی فرد بیمار و مسدود کردن راه های انتقال از طریق هوش مصنوعی

۳-۱- تشخیص بیمارهای عفونی

ترس از انتقال بیماری های عفونی، مقامات کشورهای مختلف را به راه اندازی فرآیندهایی برای شناسایی افراد در معرض خطر واداشته است. به این ترتیب، در ترمینال های فرودگاه سنگاپور، بررسی دما به طور سیستماتیک با استفاده از دوربین حرارتی برای شناسایی افراد با دمای بالا انجام می شود. رویکردهای اخیر با استفاده از مدل سازی هوش مصنوعی، این نوع نظارت را بهبود می بخشد. سیستم مشابهی برای تشخیص بیماران آلوده با طبقه بندی با استفاده از علائم حیاتی توسعه داده شد. از این رو، تعداد تنفس، ضربان قلب و دمای صورت برای طبقه بندی موفقیت آمیز افراد در معرض خطر بالاتر آنفولانزا با استفاده از شبکه عصبی و روش خوشه بندی فازی استفاده شد. از این رو، تعداد تنفس، ضربان قلب و دمای صورت برای طبقه بندی موفقیت آمیز افراد در معرض خطر بالاتر آنفولانزا با استفاده از شبکه عصبی و روش خوشه بندی فازی استفاده شد (چو^۱ و همکاران، ۲۰۱۶: ۳۶). به این ترتیب، هر نقطه بر خلاف روش های خوشه بندی غیر فازی می تواند به خوشه های متعدد تعلق داشته باشد. این نشان دهنده توانایی توسعه روش های موثر برای شناسایی جمعیت های در معرض خطر است. این تریاژ ضروری و بخشی از فرآیند است، حتی در مورد بیماری های عفونی اضطراری، که در آن تلاش ها باید در اولویت قرار گیرند. استفاده از روش های یادگیری ماشینی را می توان در زمینه های پیچیده تر مورد استفاده قرار داد. به عنوان مثال، ترکیبی از الگوریتم یادگیری ماشین بردار پشتیبانی^۲، روش اعتبارسنجی متقاطع^۳ و ماشین بردار پشتیبان تودرتو یک در مقابل یک^۴ برای جداسازی بهتر توالی

¹ Chu et al

² support vector machine (SVM)

³ leave one out cross-validation (LOOCV)

⁴ one-versus-one (OVO)

ژن از باکتری از روش هایی مانند مذاب با وضوح بالا^۱ نسبت به سایرین استفاده شد. ترکیب یادگیری ماشین بردار پشتیبان و مانند مذاب با وضوح بالا می تواند با دقت بالا (۱۰۰٪) باکتری های جدا شده را شناسایی کند. در نمونه های بیولوژیکی واقعی، نمونه های خون از بیماران، دقت تحت تاثیر قرار گرفت که نشان دهنده محدودیت در توسعه ابزار از داده های تولید شده در یک محیط کنترل شده (آزمایشگاه) است. مشخص نیست که آیا این موضوع به دلیل کیفیت پایین نمونه های بیولوژیکی یا ناشی از فعل و انفعالات باکتری ها در یک محیط غیر مصنوعی است. با این حال، این نشان می دهد که ابزارهای هوش مصنوعی توسعه یافته باید موارد عملی خاصی مانند کیفیت نمونه ها یا مدت زمان فرآیند آزمایشگاهی را در نظر بگیرند (کالینز و تاباک^۲، ۲۰۱۴: ۷۱). این مشکل در زمینه تشخیص سل، دوام عامل مرگ و میر ناشی از عفونت در جهان، حل شده است. به دلیل طولانی بودن فرآیند برای تصمیم گیری نهایی در مورد تشخیص، شاخص های اولیه عفونی جستجو شد. سیستم های موجود مانند سیستم تشخیص ایمنی مصنوعی^۳ برای تشخیص بیماری های مختلف وجود دارد. این سیستم با استفاده از ویژگی سیستم ایمنی ایجاد شده است. نقش سیستم ایمنی تشخیص تهدیدها و حفظ آنها در حافظه است. حافظه ایمنولوژیک احتمالاً مهم ترین ویژگی ایمنی است زیرا به ما امکان می دهد زمانی که تهدید (عامل عفونی) برای بار دوم با آن مواجه می شویم بهتر واکنش نشان دهیم. این در راستای توسعه ابزارهای هوش مصنوعی مبتنی بر عملکرد شناختی انسان است، تنها تفاوت در اینجا این موضوع وجود دارد که هوش در اطراف (خون) غیر متمرکز است.

سیستم تشخیص ایمنی مصنوعی از روش کی بُه عنوان طبقه بندی کننده استفاده می کند. مشکلات کمی با روش کی در یادگیری ماشین، الگوهای داده را بدون نیاز به تطابق دقیق با الگوهای شناخته شده شناسایی می کند که دقت پایینی را ارائه داده و اگر دامنه روش کی خیلی کوچک یا بزرگ باشد، ممکن است به ترتیب مشکلاتی با نویز در زمینه تشخیص وجود داشته باشد. سیستم تشخیص ایمنی مصنوعی که از روش های یادگیری ماشینی نظارت شده استفاده می کند، دقت خوبی از خود نشان داده است. ساییانی و همکاران میزان دقت این کمک طبقه بندی

¹ high-resolution melt (HRM)

² Collins, Tabak

³ AIRS

⁴ K-nearest neighbor (kNN)

را با استفاده از الگوریتم یادگیری ماشین بردار پشتیبانی به جای روش کی به عنوان طبقه بندی کننده، بهبود بخشیده اند (سایبانی و همکاران، ۲۰۱۶: ۶۵). الگوریتم یادگیری ماشین بردار پشتیبانی یک طبقه بندی قوی تر بوده و برای گروه بیماری سل به کار می رود. با دقت ۱۰۰٪، حساسیت ۱۰۰٪، ویژگی ۱۰۰٪، شاخص بودن ۱، سطح زیر منحنی^۱ و میانگین ریشه خطای مربع صفر، روش جدید سیستم تشخیص ایمنی مصنوعی توانست بیماران سل را با موفقیت طبقه بندی کند (بون و همکاران، ۲۰۱۸: ۶۷).

یکی دیگر از عفونت های تهدید کننده زندگی و همه گیر، مالاریا، تحت تحقیقات شدید برای ایجاد روش های جدید، به راحتی قابل اجرا و مقرون به صرفه برای تشخیص قرار گرفته است. تشخیص مالاریا زمان بر است و ممکن است نیاز به مداخله چندین سرویس مراقبتی بهداشتی داشته باشد (وانگ و همکاران، ۲۰۱۵: ۸۷). الگوریتم های یادگیری ماشینی برای شناسایی گلبول های قرمز آلوده به مالاریا از داده های میکروسکوپ هولوگرافی دیجیتالی، یک فناوری نسبتاً ارزان، توسعه داده شدند. هولوگرام های قطعه بندی شده از گلبول های قرمز منفرد با چندین پارامتر برحسب گذاری شدند و ۱۰ مورد از آنها بین گلبول های قرمز سالم و آلوده تفاوت آماری داشتند. چندین الگوریتم یادگیری ماشین برای بهبود ظرفیت تشخیصی مالاریا استفاده شد و مدل آموزش داده شده توسط الگوریتم یادگیری ماشین بردار پشتیبانی، بهترین دقت را در جداسازی گلبول های قرمز سالم از آلوده برای تمرین (۲۸۰، ۹۶،۷۸ درصد) و مجموعه های آزمایش (۱۲۰، ۹۷،۵۰ درصد) نشان داد. این روش مبتنی بر هوش مصنوعی **DIHM** ساده بوده و به پردازش نمونه خون پیچیده نیاز ندارد.

۲-۳- اپیدمیولوژی و انتقال

مطالعات اپیدمیولوژیک را می توان در سطح جمعیت یا در بستر بیمار (اپیدمیولوژی بالینی) انجام داد. مطالعات اپیدمیولوژیک باید در یک جدول زمانی خاص با داده های مربوط به عفونت به صورت طولی جمع آوری شود. زمانی که مدل های هوش مصنوعی به درستی انجام شوند، می

¹ Saybani et al

² area under the curve (AUC)

³ root mean squared error (RMSE)

⁴ Boon et al

⁵ Wang et al

توانند اندازه بیماری های عفونی در حال ظهور را پیش بینی کنند. مجموعه داده های بزرگ و مدل های پیش بینی برای بیماری های غیرواگیر وجود دارد. یک مطالعه اخیر داده های ۵۰ ایالت آمریکا را برای یک سری بیماری های غیرواگیر مانند دیابت، بیماری های قلبی عروقی، فشار خون بالا و موارد دیگر در یک دوره ۵ ساله جمع آوری کرده است. داده های ۳۰ ایالت برای آموزش استفاده شد و در ۲۰ ایالت باقی مانده آزمایش شد. این حجم عظیم از داده ها و مدل سازی یادگیری ماشین، امکان دستیابی به خروجی واقعیت نزدیک را فراهم می کند. با این حال، آنچه بیماری های غیرواگیر را تعریف می کند، عدم انتقال از بیمار به بیمار به دلیل نزدیکی یا محیط مشترک در یک دوره زمانی کوتاه است (سوریا، ۲۰۲۱: ۹۰۱). این همان چیزی است که بیماری های عفونی را تعریف می کند، زیرا می توانند در مدت زمان بسیار کوتاهی از فردی به فرد دیگر منتقل شوند. شدت علائم و مرگ و میر مرتبط با عفونت باعث فوریت پیش بینی اندازه و مکان اپیدمی در آینده می شود. بسیاری از روش های یادگیری ماشینی ارائه شده در این فصل علاوه بر نشان دادن نشانه هایی در مورد اندازه و مکان، که اغلب اطلاعات ارسالی است، عمدتاً توسط برنامه نویسان و متخصصین حوزه هوش مصنوعی برای تخمین متغیرهای مرتبط با عفونت (مانند زمان نهفتگی، حالت انتقال، علائم، مقاومت در برابر درمان ها) استفاده می شود (مندلسون، ۲۰۱۸: ۶۸). داده های ورودی برای مطالعات اپیدمیولوژیک بسیار متنوع است و آن را قادر می سازد تا از دارایی های مختلف هوش مصنوعی استفاده کند. مطالعات اپیدمیولوژیک پزشکان را قادر می سازد تا یک اپیدمی را از سراسرهای بسیار کوچک پیش بینی کنند، همانطور که در کار اخیر در مورد بیماری جنگلی کیاسانور که یک بیماری عفونی ویروسی منتقله از کهنه است، نشان داده شده است. تیم دانشمندان با استفاده از شبکه عصبی تنظیم شده بهینه سازی شدید، نرخ پیش بینی بالا را نشان دادند و داده های محلی سازی را برای پیاده سازی در پایگاه های اطلاعاتی آینده به منظور کنترل بهتر انتقال پیشنهاد کردند. شیوع های اخیر تهدید کننده زندگی، مانند ابولا، جامعه را به نوآوری در زمینه پیش بینی سوق داده است.

دانشمندان با استفاده از یادگیری ماشینی، یک شبکه عصبی مصنوعی تک لایه؛ رگرسیون

¹ noncommunicable diseases (NCD)

² Surya

³ Mendelson

⁴ artificial neural network (ANN)

لجستیک^۱، درخت تصمیم^۲ و طبقه‌بندی‌کننده‌های الگوریتم یادگیری ماشین بردار پشتیبانی، مجموعه‌ای از پیش‌بینی‌کننده‌ها را تولید کردند که می‌توان آن را برای ترکیب‌های مختلف داده‌های مرتبط با بیماری ابولا اعمال کرد. یک مسئله مهم در چنین بحران بهداشتی اغلب عدم پاسخگویی فوری و کیفیت پایین داده‌ها از سرسرای اولیه عفونت است. همانطور که در علم پزشکی قانونی، تاریخ انتقال به طور قابل توجهی بر مراحل اولیه متکی است. کولوبری و همکاران، نشان دادند که چگونه اطلاعات گم‌شده و/یا مسائل مربوط به اندازه نمونه کوچک را می‌توان در هنگام استفاده از رویکردهای یادگیری ماشینی حل کرد: ترکیبی از رویکردهای یادگیری ماشینی به جای یک مدل واحد. چندین تیم از ایالات متحده، چین، نیوزلند و آفریقای جنوبی از میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی^۳ برای پیش‌بینی بیماری‌های عفونی استفاده کرده‌اند. مدل میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی در ابتدا برای کاربردهای اقتصادی توسعه داده شد، اما در حوزه‌های دیگر مانند عفونت‌هایی که در الگوهای چرخه‌ای یا تکراری رخ می‌دهند، استفاده شده است (کولوبری^۴ و همکاران، ۲۰۱۶:۱۲۱). مدل‌های سری زمانی مانند مدل میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی برای پیش‌بینی شیوع‌های آینده استفاده می‌شوند، زیرا نویز فرکانس بالا را در داده‌ها فیلتر می‌کنند تا روندهای محلی را بر اساس وابستگی خطی در مشاهدات در سری تشخیص دهند. این مدل می‌تواند روابط پویا را یکپارچه کند و مدل را بر اساس رویدادهای اخیر به روز کند. از این رو، مدل میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی به طور گسترده برای پیش‌بینی سری‌های زمانی اپیدمی از جمله تب هموراژیک^۵، تب دنگی^۶ و سل استفاده شده‌اند. با استفاده از این مدل میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی فصلی^۷ و شبکه عصبی خودکار رگرسیون^۸ روز و فصلی سل در آفریقای جنوبی تجزیه و تحلیل شد. این رویکرد یادگیری ماشینی نشان‌دهنده نیاز به مقابله با مسائل مربوط به عفونت همزمان، به‌ویژه اچ.آی. وی، و همچنین دوره‌های اوج بیماریها به‌عنوان عوامل خطر در

¹ logistic regression (LR)

² decision tree (DT)

³ autoregressive integrated moving average (ARIMA)

⁴ Colubri et al

⁵ hemorrhagic fever

⁶ dengue fever

⁷ Using seasonal ARIMA (SARIMA)

⁸ Using seasonal ARIMA (SARIMA) and neural network auto-regression (SARIMA-NNAR)

انتقال است. خروجی شبکه عصبی خودکار رگرسیون با بهترین مدل بر اساس عملکرد شبیه سازی: معیار اطلاعات^۱، معیار اطلاعات مرتبه دوم^۲ و معیار اطلاعات بیزی^۳ که کمتر از مدل میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی فصلی به تنهایی بودند.

روش های دیگری غیر از میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی می تواند خطر بالقوه مرتبط با شیوع عفونت را نشان دهند. در مطالعه ای بر روی ظهور تب دره ریفت^۴ در آفریقا و شبه جزیره عربی، روش های یادگیری ماشینی حداکثر آنتروپی عوامل کلیدی مرتبط با خطر عفونی را شناسایی کرده اند. این تب، یک بیماری زئونوز ویروسی ناقل است و خروجی تالاب متناوب، غنای وحشی، و تراکم گوسفند را به عنوان ارتباط اصلی با مناسب بودن چشم انداز برای شیوع این تب شناسایی می کند (آدبویه و همکاران، ۲۰۱۶: ۵۵). تجزیه و تحلیل مقایسه ای شیوع آنفولانزای نوع آ در مصر، جنگل های تصادفی را به عنوان روشی قوی تر از میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی برای پیش بینی شناسایی کرد. مشتقات میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی مانند یک مدل شبکه عصبی رگرسیون تعمیم یافته میانگین متحرک یکپارچه خودبازگشتی برای پیش بینی و کنترل سل در محیطی دور از ایده آل از جایجایی جمعیت بالا و سابقه عفونت همزمان اچ.آی. وی در شهرستان هنگ (چین) استفاده شد (برونلسو همکاران، ۲۰۲۰: ۲۵۱۰). این نشان دهنده عملکرد برتر نسبت به مدل های قبلی برای پیش بینی بروز سل در آینده است این موضوع دوباره نشان می دهد که چندین استراتژی باید به طور موازی اجرا شوند و با محیط و زمینه محلی سازگار شوند. این را می توان با مطالعه ای نشان داد که چگونه مدل سازی استفاده از حوضه آبریز شناور سه مرحله ای^۵ می تواند به بهینه سازی استفاده از مراقبت های بهداشتی با تخصیص مجدد منابع مراقبت های بهداشتی به سایت هایی که نسبت تقاضا و عرضه به طور چشمگیری در حال افزایش است، کمک کند.

گروهی از متخصصان اخیرا از رویکردهای هوش مصنوعی (مدل شبیه سازی بیماری) برای

¹ the Akaike information criterion (AIC)

² second-order AIC (AICc)

³ Bayesian information criterion (BIC)

⁴ Rift Valley Fever (RFV)

⁵ Adeboye et al

⁶ ARIMA-generalized regression neural network (GRNN)

⁷ Brownlees et al

⁸ using three-step floating catchment area (3SFCA)

نشان دادن موفقیت در استفاده از الگوریتم‌های هوش مصنوعی برای جستجوی استراتژی‌های بهینه مداخله مالاریا استفاده کرده‌اند. تنوع و حجم داده‌های موجود برای کنترل مالاریا بسیار متراکم است (به عنوان مثال، پروژه اطلس مالاریا، پایگاه داده ایمونولوژی مالاریا، پروژه‌های نقشه برداری خطر مالاریا در آفریقا) و چنین رویکردی را فعال می‌کند. اغلب، این کمیت نیست، بلکه کیفیت و ویژگی داده‌های ورودی است که بر دقت مدل پیش‌بینی تأثیر می‌گذارد. به دنبال تلقیح ویروس دنگی توسط پشه‌ها، تب خونریزی‌دهنده دنگی می‌تواند در ۵٪ موارد رخ دهد (کای و همکاران، ۲۰۱۹: ۱۸۲۰). با استفاده از الگوریتم یادگیری ماشین بردار پشتیبانی با هسته تابع پایه شعاعی^۱، دانشمندان توانستند نرخ بالای عوارض را پیش‌بینی کنند و اقدامات احتیاطی را برای جلوگیری از وقوع چنین مواردی انجام دهند. پارامتری که توانست به سطح بالایی از دقت برسد به آب و هوا مربوط نیست، بلکه به میزان آلودگی پشه‌هایی که ویروس دنگی را منتقل می‌کنند مرتبط است. در بیشتر موارد بیماری‌های عفونی، محاصره موفقیت در انتقال معمولاً با فراگیری مرتبط است. سپس استراتژی‌ها باید بهترین راه برای برقراری ارتباط و رسیدن به دسته‌های مختلف بر اساس سن، جنسیت و سایر متغیرهای اجتماعی-اقتصادی را شناسایی کنند. استفاده از هوش مصنوعی برای پیش‌بینی همه‌گیری بیماری‌های عفونی باید مسیر را برای راه‌حل‌های سازگار هموار کند. رویکرد تحلیلی هوش مصنوعی سطح بالا که در بالا ارائه شد زمانی امکان‌پذیر است که هر یک از پایگاه داده‌های مختلف دارای سطح بالایی از صحت باشد.

۳-۳- درمان و مقاومت دارویی ضد میکروبی

علیرغم توانایی خوب برای تشخیص مالاریا و احتمالاً با تشخیص بهبود یافته در آینده نزدیک، یک مشکل قوی با داروهای ضد باکتری و ضد انگلی وجود دارد: مقاومت آنها در برابر داروها. پذیرش درمان‌های ترکیبی مبتنی بر آرتیمیزینین^۳ در ۲۰ سال پیش اکنون با ظهور انگل‌های مالاریا پلاسمودیوم فالسیپاروم^۴ با کاهش حساسیت به درمان‌های ترکیبی مبتنی بر آرتیمیزینین به چالش کشیده شده است. مدل‌سازی هوش مصنوعی با استفاده از روابط فارماکوکینتیک-فارماکودینامیک مرحله خاص انگل درون میزبان پیش‌بینی کرد که مقاومت آرتیمیزینین در نتیجه

¹ Cai et al

² radial basis function (RBF)

³ artemisinin

⁴ Plasmodium falciparum malaria

مقاوم شدن مراحل حلقه در برابر عمل دارویی است. مقاومت آنتی بیوتیکی را می توان با وجود پایگاه های اطلاعاتی که این پدیده را منعکس می کند، بهتر بهبود بخشید (شن و همکاران، ۲۰۱۸: ۲۵). پایگاه داده جامع مقاومت آنتی بیوتیکی،^۲ حاوی داده های مرجع با کیفیت بالا بر اساس مولکولی مقاومت ضد میکروبی است. پایگاه داده جامع مقاومت آنتی بیوتیکی از نظر هستی شناسی ساختار یافته، مدل محور بوده و گستره کلاسها و مکانیسم های دارویی مقاومت ضد میکروبی را در بر می گیرد. پایگاه داده یک ساختار به هم پیوسته و سلسله مراتبی است که امکان اشتراک گذاری و سازماندهی بهینه داده ها را فراهم می کند. این امر اهمیت معماری مناسب برای پایگاه داده (معماری کلان داده) را برجسته می کند. مطالعات اخیر همچنین استفاده از یادگیری ماشینی را در شناسایی موثر ظرفیت ضد میکروبی بالقوه ترکیبات بسیار موثر بیان کرده است. به روشی سیستماتیک تر، اکینز و همکاران^۳ از یک سری رویکردهای یادگیری ماشینی برای پیش بینی پاسخگویی به عفونت سل در موش ها استفاده کرده اند. این شامل مدل های طبقه بندی کننده بیزی ساده با اصلاح لاپلاس و مدل های الگوریتم یادگیری ماشین بردار پشتیبانی با استفاده از نرم افزار Discovery Studio 4.1 می شود (وینارتی و هدرمن،^۴ ۲۰۱۸: ۵۳۹). مدل های محاسباتی با استفاده از اعتبار سنجی متقاطع ترک تکی تأیید شدند، که در آن هر نمونه یکی یکی کنار گذاشته می شد، مدلی با استفاده از نمونه های باقی مانده ساخته شد، و آن مدل برای پیش بینی نمونه ی سمت چپ مورد استفاده قرار گرفت.

همانطور که در بسیاری از مطالعات، نمودارهای مشخصه اپراتور گیرنده و نواحی زیر منحنی های آن برای اعتبار سنجی متقابل، ابزارهای اعتبار سنجی مفیدی هستند. مدل بیزی با الگوریتم یادگیری ماشین بردار پشتیبانی، مدل پارتیشن بندی بازگشتی^۶ و مدل های تک درخت بازگشتی^۷ مقایسه شد. برای هر مدل، یک نمونه خودراه انداز از داده های اصلی گرفته می شود و

¹ Shen et al

² The comprehensive antibiotic resistance database (CARD)

³ Ekins et al

⁴ Vinarti, R., Hederman

⁵ receiver operator characteristic (ROC)

⁶ recursive partitioning forest (RP forest)

⁷ RP single tree models

⁸ bootstrap

از این نمونه برای ارتقای مدل استفاده می شود. نمونه خودراه انداز مجموعه ای از داده ها با اندازه کل مشابه نمونه اصلی می باشد، اما زیر مجموعه ای از آمارهای داده را می توان چندین بار در آن قرار داد (والش، ۲۰۱۷: ۴۷). داده های آن ها به وضوح نشان می دهد که مدل های بیزی ساخته شده با داده های تولید شده توسط آزمایشگاه های مختلف در زمینه آزمایش بر روی مدل های مختلف موشهای آزمایشگاهی، می توانند ارزش پیش بینی داشته و می توانند همراه با سایر مجموعه های داده برای انتخاب مناسب ترین ترکیب ضد میکروبی مورد استفاده قرار گیرند.

همان رویکردهای هوش مصنوعی را می توان بر روی یک هدف بسیار خاص برای داروهای بالقوه انجام داد یا برای تجزیه و تحلیل سیستماتیک تر مانند مهارکننده های شناخته شده فروکتوز بیس فسفات آلدولاز، یک آنزیم مرکزی در مسیر گلیکولیز در تیوبریکولوسس^۱، به طور خلاصه، نقش اساسی در متابولیسم باکتری ها انجام داد. الگوریتم های *Nai'Ve Bayes*، نمودار تصادفی و *C4.5 J48* با رویکردی برای بهبود مدل ها با اجتناب از برآزش بیش از حد و تولید مدل های سریع تر و مقرون به صرفه استفاده شدند. به طور کلی، این مطالعه و مطالعات قبلی نشان می دهند که یادگیری ماشینی دقت خوبی را در تأیید سایر مطالعات تأیید شده در روش های سیلیکونی برای غربالگری مجموعه داده های بزرگ برای شناسایی نامزدهای ضد عفونی بالقوه ارائه می کند. در همین راستا، شن و همکاران^۲ به وضوح نشان داده اند که چگونه می توان با استفاده از مدل های هوش مصنوعی به درمان بیماریها کمک کرد (والرون، ۲۰۱۷: ۸۶). تیواری و همکاران بیان کردند که سیستم پشتیبانی تصمیم پیشنهادی می تواند یک آنتی بیوتیک درمانی متناسب با بیمار را بر اساس عواملی مانند دمای بدن، محل های عفونت، علائم/نشانه ها، عوارض، طیف آنتی باکتریایی و حتی موارد منع مصرف و تداخلات دارویی و درمانی پیشنهاد کند. این سیستم به لطف اطلاعات چشمگیر داده های مورد استفاده برای ساخت مدل امکان پذیر شد: "زیست شناسی شامل ۱۲۶۷۰۰۴ کلاس، ۷۶۰۸۷۲۵ بدیهیات و ۱۲۶۶۹۹۳ عضو ساب کلاس آف است که مربوط به بیماری های عفونی، باکتری ها، سندرم ها، داروهای ضد باکتریایی اجزاء مرتبط است.

¹ Walsh

² tuberculosis

³ Shen et al

⁴ Valleron

⁵ SubClassOf

این سیستم شامل ۵۰۷ بیماری عفونی و روش های درمانی آنها در ترکیب با ۳۳۲ محل عفونت مختلف، ۹۳۶ علامت مرتبط دستگاه گوارش، تولید مثل، عصبی و غیره، ۳۷۱ نوع عارضه، ۸۳۸۴۰۷ نوع باکتری، ۳۴۱ نوع آنتی بیوتیک، ۱۵۰۴ جفت واکنش است. نرخ (طیف ضد باکتریایی) بین آنتی بیوتیک ها و باکتری ها، ۴۳۱ جفت روابط تداخل دارویی و ۸۶ جفت از روابط خاص جمعیت آنتی بیوتیکی منع مصرف می باشد. مطالعه دیگری، مدل هایی را برای کاهش استفاده از آنتی بیوتیک ها ایجاد کرده است؛ نوزادان می توانند علائمی را تجربه کنند که توسط عوامل بیماری زا^۱ یا عوامل غیر عفونی به نام سندرم پاسخ التهابی سیستمیک ایجاد می شوند (تیواری^۲ و همکاران، ۲۰۲۰: ۶۶۹). از آنجایی که تشخیص سریع با استفاده از تست های آزمایشگاهی متداول دشوار می باشد، نشان داده شده که استفاده از یک رویکرد نمودار تصادفی می تواند بهترین مجموعه پیش بینی کننده ها را از بین متغیرهای آزمایشگاهی اندازه گیری شده در شروع شناسایی کند.

علاوه بر آنتی بیوتیک ها، آنتی بادی ها در محافظت در برابر عفونت های ویروسی بسیار موثر هستند. اساس واکسیناسیون ایجاد یک پاسخ حافظه موثر در زمانی است که واکنش بعداً با ویروس مواجه می شود. این امر از طریق تولید آنتی بادی هایی اتفاق می افتد که در جلوگیری از تکثیر ویروس نقش دارند. مطالعات نشان داده اند که استفاده از یادگیری ماشینی برای شناسایی بهترین واکنش های کاندید بسیار مهم است. ویژگی های آنتی بادی می توانند نتایج عملکردی کیفی و کمی را پیش بینی کنند که با رویکردی جدید و عینی برای ارزیابی همبستگی ایمنی با ویژگی های آنتی بادی ارائه می کند (ولسکو و بیتس، ۲۰۱۶: ۵۴). تمام جنبه های پاسخ به درمان به یک پارامتر اساسی انطباق بستگی دارد. سیستم های بسیار کمی برای تأیید پایبندی به درمان های مرتبط با عفونت در مقیاس بزرگ وجود دارد. در مورد اچ.آی. وی، یک راه برای پیگیری تکامل عفونت، آزمایش سطح خون مبتلا به اچ. آی. وی می باشد. این برای تنظیم درمان بسیار کارآمد است اما در تنظیمات منابع ضعیف به ندرت مقرون به صرفه است. از آنجایی که تکامل ویروس اچ. آی. وی به شدت به درمان ضد ویروسی بستگی دارد، اطمینان از اینکه درمان به طور مناسب انجام می شود و بارهای ویروسی به

¹ sepsis

² systemic inflammatory response syndrome (SIRS)

³ Tiwari et al

⁴ Velsko, Bates

دلیل پابندی ضعیف به درمان‌ها تحت تأثیر قرار نمی‌گیرند، بسیار مهم است. در جمعیت‌هایی که در معرض خطر نارسایی ویروسی هستند، اجرای یک رویکرد حساس ممکن است ما را قادر سازد تا افراد مبتلا به پیروی نامنظم از درمان را شناسایی و به بهبود وضعیت سلامت آنها، کاهش هزینه‌های آزمایش‌های تکراری و افزایش آگاهی در مورد لزوم رعایت رژیم‌های درمانی کمک نمود.

۴- ادغام هوش مصنوعی در موسسات مراقبت بهداشتی

اینترنت اشیا اطلاعات بی‌شماری را در مورد عادت‌های انسانها جمع‌آوری می‌کند. می‌توانیم پیش‌بینی کنیم که حوزه پزشکی نیز از اینترنت اشیا بهره‌بردار خواهد بود. اکثر تست‌های آزمایشگاهی بالینی به صورت خودکار شده و پیچیدگی داده‌های تولید شده می‌تواند پیچیده‌تر باشد. استراتژی‌هایی برای پیاده‌سازی هوش مصنوعی در موسسات مراقبت‌های بهداشتی هنوز نیاز به توسعه دارد. اولین هدف، راه‌اندازی یک سیستم مدیریت داده پیشرفته است. در حالی که اکثر بیمارستان‌ها و کلینیک‌ها چنین سیستم‌هایی ندارند، این سیستم‌ها اغلب منسوخ هستند، زیرا با نوع داده‌هایی که امروزه تولید می‌شوند، سازگاری ندارند. بیمارستان‌ها باید روشی سیستماتیک برای پیش‌بینی ظهور عفونت‌های بیمارستانی داشته باشند. چنین سیستم‌های هوشمندی باید پارامترهای متعددی از جمله ظهور بیماری‌های عفونی و همچنین هرگونه تغییر خاصی در روال بیمارستان را در نظر بگیرند. این روش به طور موثر با استفاده از نمودارهای تصادفی انجام شده و توانسته توجه کارکنان بیمارستان را برای شکاف‌های احتمالی جلب نماید (چن و آس، ۲۰۱۷؛ ۲۵۰۸). برای تحقق این سطح از پیش‌بینی موارد مختلفی در تحقق آن دخیل می‌باشند: در نظر گرفتن ارتقاء تخصص در هوش مصنوعی؛ ایجاد هم‌افزایی بین برنامه‌نویسان، زیست‌شناسان، و پزشکان و توسعه فرهنگ پیرامون هوش مصنوعی، همانطور که برای پیشرفت‌های فنی قبلی انجام شده است. البته اجرای این امر بدون تلاش مجریان امر میسر نمی‌شود؛ با این حال، در حالی که هوش مصنوعی به طور گسترده به عنوان یک تهدید برای مشاغل متداول دیده می‌شود، باید به عنوان یک فرصت در نظر گرفته شود. از این رو، بیمارستان‌ها، کلینیک‌ها و سایر نهادهای نظارتی باید آن را به عنوان یک شانس تبدیل‌کننده (هانان، ۲۰۱۶؛ ۱۷). تحقیقات اخیر مزایای یکپارچه‌سازی

¹ Chen , Asch

² Hanna

رویکردهای هوش مصنوعی را برای تشخیص بهتر نشان داده است. ثابت شده است که سونوگرافی ابزار مفیدی برای تأیید تشخیص عفونت ذات الریه است. این تشخیص به دو عامل بستگی دارد: تخصص اپراتور و جهت گیری احتمالی در هنگام تفسیر توسط پزشک. برای طبقه بندی خودکار ذات الریه از روش تشخیص الگو و تجزیه و تحلیل تصویر استفاده می شود. شبکه عصبی آموزش دیده به درستی نفوذهای ویروس ذاتل الریه را شناسایی کرده است (حساسیت ۹۰٪ و ویژگی ۱۰۰٪). علاوه بر این، اطلاعات جغرافیایی مربوط به بیماری های عفونی باید با سوابق پزشکی و سابقه بیمار تطبیق داده شود؛ این امر برای درک فوری رابطه بین مکان و سایر ویژگی های بیماران مانند فعالیت حرفه ای، محیط خانوادگی، نوع مسکن، تماس با حیوانات و غیره بسیار مهم است.

نتیجه گیری

استفاده از هوش مصنوعی و زبان ماشین در زمینه کنترل بیماری های عفونی، امری بسیار امیدوار کننده می باشد. چند مسئله برای ادغام کامل هوش مصنوعی در زندگی روزانه مراقبت های بهداشتی ما وجود دارد؛ نهادهای نظارتی مانند سازمان غذا و دارو با تدیون و اجرای دستورالعمل ها می توانند به ادغام و گسترش استفاده از هوش مصنوعی در زمینه کنترل بیماری های همه گیر کمک کنند. این موضوع سؤال مهم دیگری را مطرح می کند: چگونه می توان رویکردهای هوش مصنوعی را در سراسر مؤسسه هماهنگ نمود؟ سوگند بقراط به عدالت در درمان و هدف ارائه بهترین درمان با بهترین دانش موجود اشاره دارد. هماهنگ کردن ادغام هوش مصنوعی پزشکان را قادر می سازد تا استفاده از آن را برای پیش بینی همه گیری های عفونی، درک بهتر عفونت ها و کاهش زمان برای کشف دارو اعمال نمایند. برخی از ابزارها برای تضمین تکرارپذیری تجزیه و تحلیل وجود داشته و چنین اقداماتی باید گسترش یابند. در حالی که دسترسی به دارو برای افراد بیمار به علت محدودیتهای مالی در کشورهای در حال توسعه، یک موضوع بسیار مهم و نگران کننده می باشد، استفاده از هوش مصنوعی برای قطع انتقال بیماری های همه گیر ممکن است به بهترین استراتژی بلندمدت مقرون به صرفه تبدیل شود. تجزیه و تحلیل ریسک بیماری ها، همچنین به نحوه ادغام و تأیید کیفیت داده های ورودی، به ویژه بر اساس اینترنت اشیا، بستگی دارد. تمامی موارد مذکور در زمینه افزایش سطح سلامت در ابعاد جهانی می باشد.

نظارت زیستی هنوز عمدتاً به عنوان یک سیستم ناهماهنگ باقی مانده است. نیاز به بهره گیری از پیشرفت های سریع انجام شده در دهه های گذشته در پردازش داده ها، تجزیه و تحلیل و

استفاده از آنها، کمکان وجود دارد. ساختارهای موجود، مانند نظارت بر آنفولانزای جهانی مبتنی می‌تواند به عنوان نمونه‌ای برای توسعه قابلیت‌های بلندمدت در پیشگیری از همه‌گیری بیماری‌های عفونی و اثرات مضر آنها استفاده شود، حتی سازمان‌های درون کشوری اغلب در انتقال اطلاعات به درستی و گروه‌بندی به موقع آن ضعیف عمل کنند. معماری داده‌ها یک بخش اساسی بوده که باید در بخش‌های بالادستی تعریف شود تا امکان اشتراک‌گذاری، ادغام و تجزیه و تحلیل داده‌ها فراهم شود. با افزایش مبادلات محصولات و سفرها، خطرات انتشار بیماری‌های عفونی کاهش نمی‌یابد، مگر اینکه تصمیمات استراتژیک در سطح جهانی در مورد اجرای معماری‌های کلان داده‌ها و ادغام آنها برای راه‌حل‌های مبتنی بر هوش مصنوعی اتخاذ شود. همچنین می‌توان منتظر این سیاستها نماند و راه‌های دیگری را اتخاذ نمود؛ به عنوان مثال، رویکردهای شخصی برای کنترل خطر شیوع بیماری‌های همه‌گیر پیشنهاد شده است. این موضوع شامل توجه به سه پارامتر اساسی برای کنترل بیماری‌های عفونی است: در دسترس بودن عوامل بیماری‌زا، (۲) روش انتقال و میزبان حساس. با آزمایش سه نوع مدل از بیماری‌های عفونی، از جمله سل (انتقال از هوا)، تب‌دنگی (انتقال از طریق نیش پشه ناقل)، و وبا (از طریق آب/غذا)، محققین، توجه مؤثر و خودکار به زمینه احتمال‌های خطر را بیان نموده‌اند که بسیار تحت تأثیر فرد و محیط بوده و هر دو رویکرد در سطح جمعیت و شخصی باید توسعه یابد، زیرا بیماری‌های عفونی، هر یک دارای ویروس ناقل، زمان نهفتگی، حالت انتقال متفاوتی بوده و بسته به نوع میزبان، منجر به علائم متفاوتی می‌شوند.

منابع

- Agrebi, Said, Larbi. Anis. 2020. Use of artificial intelligence in infectious diseases. *Artificial Intelligence in Precision Health*. 2020 : 415–438.
- Adeboye, A., Obaromi, D., Odeyemi, A., Ndege, J., Muntabayi, R., 2016. Seasonality and trend forecasting of tuberculosis prevalence data in Eastern Cape, South Africa, using a hybrid model. *Int.J. Environ. Res. Public Health* 13 (8), 757.
- Belle, A., Kon, M.A., Najarian, K., 2018. Biomedical informatics for computer-aided decision support systems: a survey. *Sci. World J.* 2018, 769639.
- Blasco, B., Leroy, D., Fidock, D.A., 2017. Antimalarial drug resistance: linking *Plasmodium falciparum* parasite biology to the clinic. *Nat. Med.* 23 (8), 917–928.
- Boon, I.S., Yong, T.P.T.A., Boon, C.S., 2018. Assessing the role of artificial intelligence (AI) in clinical oncology: utility of machine learning in radiotherapy target volume delineation. *Medicines (Basel)* 5 (4). pii: E131.
- Brownlees, C., Joly, E., Lugosi, G., 2020. Empirical risk minimization for heavy-tailed losses. *Ann. Stat.* 43 (6), 2507–2536.
- Cai, J.J., Einmahl, J.H.J., DeHaan, L., 2019. Estimation of extreme risk regions under multivariate regular variation. *Ann. Stat.* 1803–1826.
- Chen, J.H., Asch, S.M., 2017. Machine learning and prediction in medicine—beyond the peak of inflated expectations. *N. Engl. J. Med.* 376 (26), 2507–2509.
- Choi, I., Chung, A.W., Suscovich, T.J., Rerk. Ngarm, S., Pitisuttithum, P., Nitayaphan, S., Kaewkungwal, J., O’Connell, R.J., Francis, D. Robb, M.L., Michael, N.L., Kim, J.H., Alter, G., Ackerman, M.E., Bailey-Kellogg, C., 2015. Machine learning methods enable predictive modeling of antibody feature: function relationships in RV144

- Chu, Winston T, Reza, Syed M S, Anibal, James T, Landa, Adam, Crozier, Ian, Bağci, Ulaş, Wood, Bradford J. 2023. Artificial Intelligence and Infectious Disease Imaging. *J Infect Dis.* 2023 Oct 1; 228(Suppl 4): S322–S336. Vaccines. *PLoS Comput. Biol.* 11 (4) e1004185.
- Chu, H.J., Lin, B.C., Yu, M.R., Chan, T.C., 2016. Minimizing spatial variability of healthcare spatial accessibility—the case of a dengue fever outbreak. *Int. J. Environ.*
- Collins, F.S., Tabak, L.A., 2014. Policy: NIH plans to enhance reproducibility. *Nature* 505 (7485), 612–613.es. *Public Health* 13 (12), 1235.
- Colubri, A., Silver, T., Fradet, T., Retzepi, K., Fry, B., Sabeti, P., 2016. Transforming clinical data into actionable prognosis models: machine-learning framework and field-deployable app to predict outcome of Ebola patients. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 10 (3), e0004549.
- Correa, M., Zimic, M., Barrientos, F., Barrientos, R., Román-Gonzalez, A., Pajuelo, M.J., Anticona, C., Mayta, H., Alva, A., Solis-Vasquez, L., Figueroa, D.A., Chavez, M.A., Lavarello, R., Castañeda, B., Paz-Soldán, V.A., Checkley, W., Gilman, R.H. Oberhelman, R., 2018. Automatic classification of pediatric pneumonia based on lung ultrasound pattern recognition. *PLoS One* 13 (12), e0206410.
- Fraley, S.I., Athamanolap, P., Masek, B.J., Hardick, J., Carroll, K.C., Hsieh, Y.H., Rothman, R.E., Gaydos, C.A., Wang, T.H., Yang, S., 2016. Nested machine learning facilitates increased sequence content for large-scale automated high resolution melt genotyping. *Sci. Rep.* 6, 19218.
- Hay, S.I., Battle, K.E., Pigott, D.M., Smith, D.L., Moyes, C.L., Bhatt, S., Brownstein, J.S., Collier, N., Myers, M.F., George, D.B., Gething, P.W., 2019. Global mapping of infectious disease. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B: Biol. Sci.* 368 (1614).
- Hanna, J., 2016. The Apollo Structured Vocabulary: an OWL2 ontology of phenomena in infectious disease epidemiology and population biology for use in epidemic simulation. *J. Biomed. Semant.* 7, 50.
- Mendelson, S. 2018. Learning without concentration for general loss functions. *Probab. Theory Relat. Fields* 171 (1), 459–502.
- Saybani, M.R., Shamsirband, S., Golzari, S., Wah, T.Y., Saeed, A., Kiah, L.M., Balas, V.E., 2016. RAIRES2 a new expert system for diagnosing tuberculosis with real-world tournament selection mechanism inside artificial immune recognition system. *Med. Biol. Eng. Comput.* 54, 385.
- Shen, Y., Yuan, K., Chen, D., Colloc, J., Yang, M., Li, Y., Lei, K., 2018. An ontology-driven clinical decision support system (IDDAP) for infectious disease diagnosis and antibiotic prescription. *Artif. Intell. Med.* 86, 20–32.
- Iver, D., Schrittwieser, J., Simonyan, K., Antonoglou, I., Huang, A., Guez, A., Hubert, T., Baker, L., Lai, M., Bolton, A., Chen, Y., Lillicrap, T., Hui, F.,

- Sifre, L., van de Driessche, G., Graepel, T., Hassabis, D., 2017. Mastering the game of Go without human knowledge. *Nature* 550, 354–359.
- Surya, Lakshmisri. 2021. How Government Can Use AI and ML to Identify Spreading Infectious Diseases. *International Journal of Creative Research Thoughts (IJCRT)*, ISSN:2320-2882, Volume.6, Issue 1, pp.899-902,
- Valleron, A.J., 2017. Data science priorities for a university hospital-based institute of infectious diseases: a viewpoint. *Clin. Infect. Dis.* 65 (Suppl. 1), S84–S88.
- Tiwari, K., Jamal, S., Grover, S., Goyal, S., Singh, A., Grover, A., 2020. Cheminformatics based machine learning approaches for assessing glycolytic pathway antagonists of *Mycobacterium tuberculosis*. *Comb. Chem. High Throughput Screen.* 19 (8), 667–675.
- Velsko, S., Bates, T., 2016. A conceptual architecture for national biosurveillance: moving beyond situational awareness to enable digital detection of emerging threats. *Health Secur.* 14 (3).
- Vinarti, R., Hederman, L., 2018. A knowledge-base for a personalized infectious disease risk prediction system. *Stud. Health Technol. Inform.* 247, 531–535.
- Walsh, M.G., de Smalen, A.W., Mor, S.M., 2017. Wetlands, wild Bovidae
- Wang, Y., Tian, Y., Tian, L.L., Qian, Y.M., Li, J.S., 2015. An electronic medical record system with treatment recommendations based on patient similarity. *J. Med. Syst.* 39, 55.
- Wang, Y., Yang, Y.J., Chen, Y.N., Zhao, H.Y., Zhang, S., 2016. Computer-aided design, structural dynamics analysis, and in vitro susceptibility test of antibacterial peptides incorporating unnatural amino acids against microbial infections. *Comput. Methods Prog. Biomed.* 134, 215–223.