



## مروری بر نقش هوش مصنوعی در تشخیصی و درمان بیماری‌های عفونی

آرمین شالچیان: کارشناسی ارشد، گروه کامپیوتر، دانشگاه آزاد اسلامی شعبه غرب، تهران، ایران

آیلین اسمعیل خانی: کارشناسی ارشد، گروه میکروب شناسی، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، تبریز، ایران

شبنم رضوی: دکترای تخصصی، مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی میکروبی و گروه میکروب شناسی، دانشگاه علوم پزشکی ایران، تهران، ایران

عابد زاهدی بیالوائی: دکترای تخصصی، مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی میکروبی، دانشگاه علوم پزشکی ایران، تهران، ایران (\* نویسنده مسئول) abedzahedi@gmail.com

### چکیده

#### کلیدواژه‌ها

هوش مصنوعی،  
مراقبت‌های بهداشتی،  
فناوری سلامت،  
بیماری‌های عفونی،  
کووید-۱۹

بیماری‌های عفونی می‌توانند در اثر انتقال مستقیم یا غیر مستقیم میکروارگانیسم‌ها مانند ویروس، باکتری، انگل یا قارچ ایجاد شوند. گسترش این بیماری‌ها و عفونت ممکن است باعث همه‌گیری جهانی عوامل میکروبی نوپدید مانند COVID-19 شود. پایه‌گذاری و استفاده از هوش مصنوعی می‌تواند به دانشمندان در پیش‌بینی بیماری‌های عفونی برای جلوگیری از شیوع بیماری همه‌گیر، درک رفتار میکروارگانیسم‌ها و همچنین در کشف سریع‌تر دارو برای مهار بیماری کمک کند. امروزه، هوش مصنوعی در آستانه تحول در سیستم مراقبت‌های بهداشتی از طریق تجزیه و تحلیل و مداخلات متمرکز و اختصاصی بیماری است تا راه حل‌های سریعتر، قابل اطمینان‌تر و اقتصادی‌تری برای رفاه بشر ترویج کند. سیستم‌های هوش مصنوعی از محاسبات شناختی، یادگیری عمیق، شبکه‌های عصبی متغیر و یادگیری ماشینی استفاده می‌کنند و می‌توانند نقش مهمی در تشخیص، غربالگری، نظارت، کاهش حجم کار مراقبین و پیش‌بینی درمان‌های جدید داشته باشند. این مقاله مروری با معرفی هوش مصنوعی، کاربردهای بالقوه آن را در حوزه بیماری‌های عفونی مورد بحث قرار می‌دهد که می‌تواند در مبارزه با افزایش بیماری‌های عفونی به نهادهای بهداشتی و سلامت جامعه جهانی کمک کند.

تعارض منافع: گزارش نشده است.

منبع حمایت‌کننده: حامی مالی ندارد.

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۵/۱۰

تاریخ چاپ: ۱۴۰۱/۰۷/۰۹

### شیوه استناد به این مقاله:

Shalchian A, Esmailkhani A, Razavi S, Zahedi Bialvaei A. A Review of the Role of Artificial Intelligence in the Diagnosis and Treatment of Infectious Diseases. Razi J Med Sci. 2022;29(7):189-203.

\*انتشار این مقاله به صورت دسترسی آزاد مطابق با CC BY-NC-SA 3.0 صورت گرفته است.

## Review Article

# A Review of the Role of Artificial Intelligence in the Diagnosis and Treatment of Infectious Diseases

**Armin Shalchian:** MA, Computer Department, Islamic Azad University, West Branch, Tehran, Iran

**Aylin Esmailkhani:** MA, Microbiology Department, Tabriz University of Medical Science, Tabriz, Iran

**Shabnam Razavi:** PhD, Microbial Biotechnology Research Center, Microbiology Department, Iran University of Medical Science, Tehran, Iran

**Abd Zahedi Bialvaei:** PhD, Microbial Biotechnology Research Center, Iran University of Medical Science, Tehran, Iran (\* Corresponding author) abedzahedi@gmail.com

## Abstract

**Background & Aims:** Infectious diseases can be caused by the direct or indirect transmission of microorganisms such as viruses, bacteria, parasites or fungi. The spread of these diseases and infections may cause a global pandemic such as COVID-19. Establishing and using artificial intelligence can help scientists predict infectious diseases to prevent the spread of epidemics, understand the behavior of microorganisms, and discover drugs to control disease faster. Today, artificial intelligence is on the verge of evolving the health care system through disease-focused analysis and interventions to promote faster, more reliable, and more cost-effective solutions to human well-being. Artificial intelligence systems use cognitive computing, deep learning, variable neural networks, and machine learning and can play an important role in diagnosing, screening, monitoring, reducing the workload of caregivers, and predicting new treatments. This article reviews the potential applications of artificial intelligence in the field of infectious diseases that can help the health institutions of the global community in combating the increase of infectious diseases.

**Methods:** To achieve the goals mentioned above, almost all articles about application of artificial intelligence in the field of medical sciences and infectious diseases was evaluated in PubMed, and Scopus databases.

**Results:** Among the available analytical tools, artificial intelligence (AI) is recognized as the most powerful and promising tool for the human race (3). AI is the output of input sources: big data that needs to be refined, structured, and integrated. What we call big data can be defined by volume, speed, variety, variability, accuracy, and complexity. These terms refer to the amount of data, the speed of data entry and exit, the range of data types and sources, and accuracy, respectively. However, the volume and speed of data in today's healthcare are generally not high enough to require large data. However, in the context of omics, which generate hundreds of thousands of data-related topics on gene polymorphism, gene expression, metabolic, lipidomic, and proteomics, there is a need to develop better tools for identifying specific cases of general data orientation. Artificial intelligence can not only provide instant insights into the spread of disease by processing large volumes of data, but can also help predict new outbreaks. Population contact and movement tracking can be analyzed through artificial intelligence models to enable preventive measures, detection and understanding of epidemic outbreaks. In the current era of technological advancement, artificial intelligence models are widely playing an important role in analyzing massive data from various sources of infectious diseases such as national surveillance systems, reporting and monitoring systems, genome databases, outbreak reports, vaccination reports and human dynamics information. With the influx of huge volumes of data, the integration of data under primary data management and knowledge extraction enables the AI program to reveal latent trends. Artificial intelligence helps to model pandemics and simulate diseases in the field of diseases so that policy makers can take effective health care measures. AI plays an important role in controlling the new Covid-19 virus and helps global influenza tracking systems by predicting new influenza outbreaks in various parts of the world, and provides immediate insight by analyzing social media communications to track potential outbreaks. Artificial intelligence applications can help prevent preventive behaviors from spreading to infectious diseases.

Despite its good ability to diagnose malaria and possibly improve its diagnosis in the near future, there is a serious problem with resistance to antibacterial and antiparasitic drugs (20). Artemisinin-

## Keywords

Artificial intelligence,  
Health Cares,  
Health technology,  
Infectious diseases,  
COVID-19

Received: 01/08/2022

Published: 01/10/2022

based combination therapy guidelines, approved 20 years ago, are now being challenged by the emergence of *Plasmodium falciparum* parasites with reduced susceptibility to these therapies. Mathematical modeling using pharmacokinetic-pharmacodynamic relationships specific to the parasite host stage predicted that artemisinin resistance was due to the resistance of the ring stages to the effect of the drug.

Recent studies have also shown the use of machine learning in effectively identifying the potential antimicrobial capacity of antibiotic-candidate compounds (23). Shen et al. have developed a decision support system that can suggest a patient-specific antibiotic treatment based on factors such as body temperature, site of infection, signs / symptoms, side effects, antibacterial spectrum, and even contraindications and select drug interactions with other drugs. This was possible thanks to the significant set of data used to build the model. This system includes 507 infectious diseases and their treatment methods in combination with 332 different places of infection, 936 symptoms related to the gastrointestinal tract, reproductive system, nervous system and other systems, 371 types of complications, 838407 types of bacteria, 341 types of antibiotics. There were 1504 pairs of reaction models (antibacterial spectra) between antibiotics and bacteria, 431 pairs of drug interactions and 86 pairs of specific contraindications of specific populations of antibiotics. In another study, models were developed to reduce the use of antibiotics. Infants can experience Systemic Inflammatory Response Syndrome (SIRS), which is a symptom caused by sepsis or non-infectious agents. Because it is difficult to make clear and rapid diagnoses using classical laboratory tests, it has been shown that the best set of predictors of non-laboratory and early variables can be identified using a random Forrest method (28).

The Internet of Things (IoT) gathers a wealth of information about our habits. We can predict that medicine will also benefit greatly from the IoT. Most clinical laboratory tests are performed automatically, and the complexity of the data generated can be increased. Strategies for implementing AI in health care institutions have yet to be developed (34). The first goal is to set up an advanced data management system. While most hospitals and clinics have such systems, these systems are often obsolete because they are not compatible with the type of data we produce today. In the ongoing follow-up of infectious diseases, hospitals must have a systematic way to predict the onset of nosocomial infections. However, while AI is widely seen as a threat to "shared" occupations, it should also be seen as an opportunity. Hence, hospitals, clinics and other regulatory bodies should see it as an opportunity. Recent work has shown the advantage of combining AI approaches for better detection. For example, ultrasound has been shown to be a useful tool for confirming the diagnosis of lung infection or pneumonia. This diagnosis depends on two factors: the operator's expertise and the potential bias when interpreted by the physician. Pattern-based diagnosis and image analysis have been used for automatic pneumonia grading (35). The neural network has correctly identified pneumatic infiltration (sensitivity higher than 90% and specificity 100%). In addition, geographic information about infectious diseases should be consistent with medical records and patient histories (36). It is important to immediately determine the relationship between the situation and other characteristics of patients such as professional activities, family environment, type of housing, contact with animals, etc. More preparedness for epidemics in the hospital according to the number of beds, and activation of measures Specifically tested to prevent the spread of infection.

**Conclusion:** As discussed in this study, the use of AI and machine learning is very promising. While access to medicine in developing countries is still a (financial) constraint, the use of AI to break the transmission chain may be the best cost-effective solution in the long run. Data structure is an essential part that must be defined upstream to enable the integration and analysis of such data sharing. Increasing commodity exchanges and travel does not reduce the risk of spreading infectious diseases unless global strategic decisions are made about implementing big data architectures and integrating them into AI-based solutions.

**Conflicts of interest:** None

**Funding:** None

### Cite this article as:

Shalchian A, Esmailkhani A, Razavi S, Zahedi Bialvaei A. A Review of the Role of Artificial Intelligence in the Diagnosis and Treatment of Infectious Diseases. Razi J Med Sci. 2022;29(7):189-203.

\*This work is published under CC BY-NC-SA 3.0 licence.

## مقدمه

بیماری‌های عفونی بر سلامت جمعیت و اقتصاد جهان تأثیر بسیار گسترده‌ای دارند. قابلیت‌های سیستم مراقبت‌های بهداشتی برای مقابله با هر گونه تهدید پاندمی همچنان نیاز به تقویت و ارتقا دارد. در حالی که جهان منتظر انتخاب واکسن موثر جهت ریشه کنی قطعی ویروس کووید-۱۹ است، فناوری‌های دیجیتالی مانند هوش مصنوعی (AI) نقش مهمی در مطالعات تحقیقاتی، آزمایشات پزشکی و آزمایشات بالینی در سراسر جهان ایفا می‌کند. تکنیک‌های هوش مصنوعی شامل یادگیری ماشینی و یادگیری عمیق می‌توانند ساختار پروتئینی ویروس را تخریب کرده و همچنین در پیش‌بینی اثر واکسن می‌توانند آنتی‌بادی‌هایی را در بدن انسان برای مبارزه با ویروس تولید کنند. همچنین می‌تواند خطر مرگ و میر را با تجزیه و تحلیل کافی داده‌های قبلی بیماران پیش‌بینی کند. هوش مصنوعی می‌تواند با غربالگری جمعیت، کمک پزشکی، اطلاع‌رسانی و پیشنهادات در مورد کنترل عفونت به ما در مبارزه با این ویروس کمک کند (۱). از مدل‌های هوش مصنوعی می‌توان برای تجزیه و تحلیل الگوهای نهفته در حجم عظیمی از داده‌ها برای انجام بسیار سریع‌تر کارهای پیچیده طبقه‌بندی و پیش‌بینی رویدادها استفاده کرد. مدل‌های یادگیری ماشینی و شبکه‌های عصبی مصنوعی (Artificial Neural Networks: ANN) را می‌توان بر روی نمونه‌های بزرگ داده‌های ساختار یافته و بدون ساختار سلول‌های تحت تأثیر آموزش داد تا بهترین مسیر ممکن را برای از بین بردن ویروس پیش‌بینی کند (۲). این مقاله مروری با معرفی هوش مصنوعی، به نقش آن در ارائه مراقبت‌های بهداشتی می‌پردازد که می‌تواند به مردم در مقابله با بیماری‌های عفونی کمک کند.

## هوش مصنوعی در سیستم مراقبت‌های بهداشتی

در میان ابزارهای تحلیلی موجود، هوش مصنوعی (artificial intelligence: AI) به عنوان قدرتمندترین و امیدوارکننده‌ترین ابزار برای نوع بشر شناخته شده است (۴). هوش مصنوعی، خروجی حاصل از منابع ورودی است: داده‌های بزرگی (big data) که باید

پالایش، ساختار یافته و یکپارچه شوند. آنچه را که ما به عنوان داده بزرگ می‌گوییم می‌توان با حجم، سرعت، تنوع، تغییرپذیری، صحت و پیچیدگی تعریف کرد (۵). این اصطلاحات به ترتیب به میزان داده، سرعت ورود و اشاره دارند. با این حال، عموماً حجم و سرعت داده‌ها در مراقبت‌های بهداشتی امروزی به اندازه کافی بالا نیستند که به داده‌های بزرگ نیاز داشته باشند. بیشتر مطالعات مرتبط با سلامت نیازی به حضور محققین حیاطه داده بجز متخصصان بیوانفورماتیک و آمار ندارند. با این حال، در زمینه ی omics که صدها هزار موضوع مرتبط با داده در مورد چندشکلی ژنی، بیان ژن، متابولومیک، لیپیدومیک و پروتئومیکس تولید می‌کند، نیاز به توسعه ابزارهای بهتر برای شناسایی موارد خاصی از جهت گیری کلی انبوهی از داده‌ها وجود دارد (۶).

تشخیص سیگنال‌های ضعیف، شناسایی زود هنگام روندها را قبل از اینکه قابل توجه و مهم شوند امکان‌پذیر می‌کند. این امر در زمینه امنیت سایبری بسیار مورد استفاده قرار می‌گیرد و در حوزه مراقبت‌های بهداشتی به معنای شناسایی اثر در تعداد کمی از افراد یا خوشه‌ای از افراد و پیش‌بینی مسیر بالینی بقیه است. مجموعه‌های مختلفی از اطلاعات برای پیش‌بینی شیوع بیماری‌های عفونی استفاده شده است. مشکل بیماری‌های عفونی، همانطور که در بالا معرفی شد، غیر قابل پیش‌بینی بودن آنها و همچنین عوامل متعددی است که بر روند عفونت و انتقال تأثیر می‌گذارد. هوش مصنوعی نوعی محاسبات است که به ماشین‌آلات اجازه می‌دهد با انجام عملکردهای شناختی، مانند انسانها عمل کنند یا واکنش نشان دهند (۷). در مقابل، اگرچه محاسبات سنتی نیز به داده‌ها واکنش نشان می‌دهند اما خروجی‌ها لزوماً با دست‌کدگذاری می‌شوند تا از این طریق واکنش نشان دهند. در این حالت هیچ عملکرد شناختی انجام نمی‌شود، زیرا هوش مستقل وجود ندارد. اگر وضعیت غیر منتظره‌ای پیش بیاید، محاسبات سنتی نمی‌توانند واکنش نشان دهند. به طور خلاصه، سیستم عامل‌های هوش مصنوعی دائماً رفتار خود را با تغییرات تطبیق داده و واکنش‌های خود را متناسب با آن اصلاح می‌کنند (۵). در رویکرد هوش مصنوعی، ماشین‌ها برای تجزیه و تحلیل، تفسیر و حل

توسعه تحلیلی مناسب در حال رشد است. اینترنت اشیا (IoT) با استفاده از دسته جدیدی از داده‌ها، که اغلب به آنها داده‌های تفریحی گفته می‌شود، در زمینه مراقبت‌های بهداشتی بیشتر و بیشتر مورد توجه قرار می‌گیرند (۱۳). اینترنت اشیا شبکه‌ای رو به رشد از دستگاه‌ها و اشیاء است که ما در زندگی روزمره خود از آن استفاده می‌کنیم و می‌تواند اطلاعات را جمع‌آوری کند. تلفن‌های هوشمند با برنامه‌های کاربردی و پوشیدنی متعدد نمونه‌ای معمولی از دستگاه‌هایی هستند که جریان مداوم داده‌ای را تولید می‌کنند و می‌توان از آن برای درک بهتر سبک زندگی استفاده کرد. تخمین زده می‌شود که در حال حاضر در سراسر جهان بیش از ۷ میلیارد شیء متصل به اینترنت در حال استفاده است و استفاده از این موارد امکانات زندگی ما را بهبود می‌بخشد. چنین داده‌هایی به همراه مجموعه داده‌های مراقبت‌های بهداشتی کلاسیک برای درک بهتر بیماری‌های عفونی، مکانیسم‌های عفونت، مقاومت در برابر درمان، سرایت بیماری و همچنین برای بهبود طراحی واکسن‌ها استفاده می‌شود (شکل ۱).

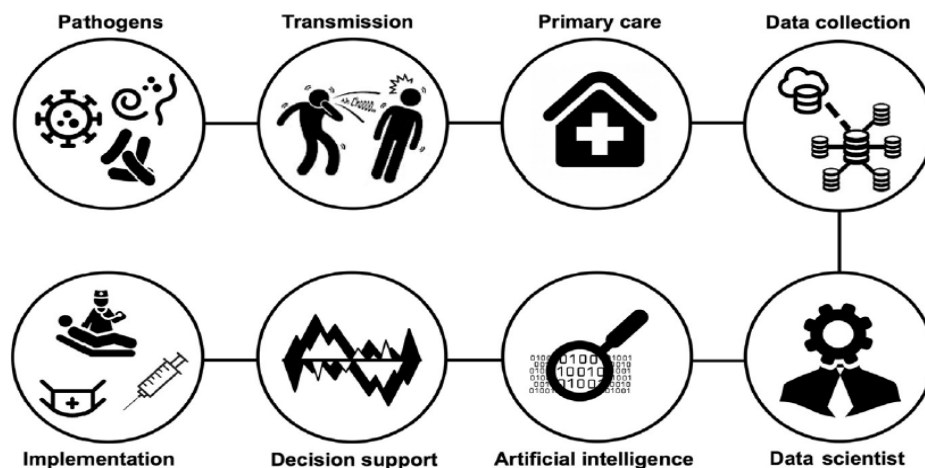
### هوش مصنوعی برای مهار پاندمی

بر اساس تجارب بدست آمده از طغیان‌های اخیر آنفلوآنزا و کووید ۱۹، افزایش تراکم و تحرک جمعیت

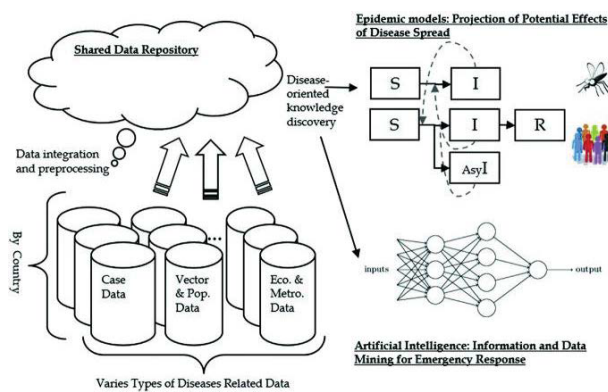
مسئله طراحی شده‌اند. رایانه در یکی از برنامه‌های اصلی خود، یعنی یادگیری ماشینی، یک بار می‌آموزد که چگونه به یک نتیجه خاص عمل کند یا واکنش نشان دهد و می‌داند که در آینده هم به همان روش عمل کند.

گزارش‌های اخیر ارزش افزوده یادگیری ماشینی را برای پردازش تصویر نشان داده است، جایی که ابزارهای کلاسیک نمی‌توانند علائم اولیه بیماری را شناسایی کنند (۸). این امر به ویژه در مورد سرطان صدق می‌کند که تشخیص و درمان آن اغلب با رویکردهای AI انجام می‌شود (۹). حتی در کشورهای در حال توسعه که منابع، هزینه مراقبت‌های بهداشتی و سایر محدودیت‌ها سبب ممانعت از ارائه مراقبت بهینه می‌شود، این امر قابل اجرا است. گروهی به تازگی امکان ایجاد مراقبت کم‌هزینه برای تشخیص لنفوم را بر اساس تصویربرداری پایه و یادگیری عمیق (Deep learning) نشان داده‌اند (۱۰). چندین گزارش استفاده از شبکه Bayesian (BN) را برای نشان دادن وابستگی‌های آماری ارائه می‌دهد (۱۱). BN یک مدل مبتنی بر نمودار از توزیع احتمالات چند متغیره مشترک است که خصوصیات استقلال شرطی بین متغیرها را به دست می‌آورد (۱۲).

در عصر زیست‌شناسی سیستم‌ها و پزشکی شخصی،



شکل ۱- اصول اساسی در کنترل بیماری‌های عفونی. جنبه‌های مهم کنترل سرایت و کنترل بهبود یافته با اقدامات پیشگیرانه (واکسیناسیون و بهداشت) ارائه شده است. نقش اکوسیستم هوش مصنوعی در این کار اساسی است. طرح‌های Freepik از سایت [www.flaticon.com](http://www.flaticon.com).



شکل ۲- مدل مفهومی یکپارچه برای بیماری‌های عفونی با استفاده از هوش مصنوعی

نقش مهمی در شیوع بیماری‌های عفونی در حال ظهور دارد که ممکن است منجر به پاندمی شود. تجمع افراد در فضای محدود و ارتباط متقابل با بیمار مبتلا می‌تواند احتمال گسترش بیماری را بیشتر کند. با توجه به تفاوت در تراکم جمعیت، جمعیت‌شناسی، محیط‌ها و الگوهای رفتاری، تعداد زایشی عامل بیماری‌زا و میزان انتشار بیماری در جغرافیای مختلف متفاوت خواهد بود. هوش مصنوعی نه تنها با پردازش حجم وسیعی از داده‌ها می‌تواند به ارائه بینش لحظه‌ای در مورد گسترش بیماری کمک کند، بلکه می‌تواند در پیش‌بینی کانون‌های جدید همه‌گیری نیز کمک کند (۱۴). ردیابی تماس و تحرکات جمعیت را می‌توان از طریق مدل‌های هوش مصنوعی تجزیه و تحلیل کرد تا تشخیص پیشگیرانه، شناسایی و درک طغیان‌های همه‌گیری را امکان‌پذیر کند. در عصر کنونی پیشرفت فناوری، مدل‌های هوش مصنوعی به طور گسترده نقش مهمی در تجزیه و تحلیل داده‌های عظیم از منابع مختلف بیماری‌های عفونی مانند سیستم‌های نظارت ملی، سیستم‌های گزارش دهی و پایش، پایگاه‌های داده ژنوم، گزارش‌های برر سی طغیان، بسترهای ر سانه‌ای، جستجوهای اینترنتی، گزارش واکسنیاسیون و اطلاعات پویایی انسان دارند. با هجوم حجم عظیمی از داده، ادغام داده‌ها تحت مدیریت اصلی داده و استخراج دانش، برنامه هوش مصنوعی را قادر می‌سازد تا روندهای نهفته را نمایان سازد. هوش مصنوعی به مدل‌سازی پاندمی و شبیه‌سازی بیماری‌های منتشره در زمینه بیماری‌ها کمک می‌کند تا سیاست‌گذاران اقدامات موثر

مراقبت‌های بهداشتی را انجام دهند (۱۵). شکل ۲ کشف دانش بیماری را با استفاده از هوش مصنوعی نشان می‌دهد. شکل ۲ اطلاعات مهمی را در اختیار دولت و موسسات مراقبت‌های بهداشتی برای برنامه‌ریزی جهت مهار گسترش پاندمی قرار می‌دهد. هوش مصنوعی نقش مهمی در مهار ویروس جدید کووید-۱۹ دارد و همچنین با پیش‌بینی طغیان جدید آنفلوآنزا در نقاط مختلف به سیستم‌های ردیابی آنفلوآنزای جهانی کمک می‌نماید و با تجزیه و تحلیل ارتباطات رسانه‌های اجتماعی برای ردیابی رویدادهای احتمالی شیوع، بینش بدون درنگی را در مورد شیوع بیماری ارائه می‌دهد (۱۵). برنامه‌های کاربردی هوش مصنوعی می‌توانند در انجام رفتارهای پیشگیرانه برای پیشگیری و مقابله با گسترش بیماری‌های عفونی به بشر کمک کنند.

### اپیدمیولوژی و سرایت بیماری

مطالعات اپیدمیولوژیک را می‌توان در سطح جمعیت یا در بستر بیمار (اپیدمیولوژی بالینی) انجام داد. مطالعات اپیدمیولوژیک باید در یک دوره زمانی خاص، با داده‌های مربوط به عفونت که به روش طولی (longitudinal) جمع‌آوری شده‌اند، انجام شوند. هنگامی که به درستی انجام شوند، مدل‌های ریاضی می‌توانند بزرگی بیماری‌های عفونی در حال ظهور را پیش‌بینی کنند (۱۶). مجموعه داده‌های بزرگ و مدل‌های پیش‌بینی برای بیماری‌های غیرواگیر (NCD) وجود دارد. یک مطالعه اخیر داده‌های ۵۰ ایالت آمریکا برای

(DT) و طبقه‌بندی‌کننده‌های SVM مجموعه‌ای از پیش‌بینی‌ها را تولید کردند که می‌تواند در ترکیبات مختلف داده‌های مربوط به ابولا اعمال شود (۱۹). یک مسئله مهم در چنین بحران‌های بهداشتی اغلب عدم پاسخ فوری و کیفیت پایین داده‌های منطقه اولیه عفونت است. این امر شبیه پروتکل‌های پزشکی قانونی است که تاریخچه سرایت به طور قابل توجهی به مراحل اولیه متکی است. Colubri و همکاران نشان دادند که می‌توان هنگام استفاده از رویکردهای یادگیری ماشینی با ترکیبی از رویکردهای یادگیری ماشینی به جای یک مدل واحد، اطلاعات از دست رفته و یا مسائل مربوط به اندازه نمونه کوچک را حل کرد (۱۹).

چندین تیم از ایالات متحده (۲۰)، چین، نیوزیلند (۲۱) و آفریقای جنوبی (۲۲) از میانگین autoregressive integrated moving (ARIMA) برای پیش‌بینی بیماری‌های عفونی استفاده کرده‌اند. مدل ARIMA در اصل برای کاربردهای اقتصادی ساخته شده است اما در حوزه‌های دیگر مانند عفونت‌هایی که به صورت دوره‌ای یا تکراری ایجاد می‌شوند، مورد استفاده قرار گرفته است. مدل‌های سری مانند ARIMA برای پیش‌بینی وقوع طغیان در آینده استفاده می‌شود زیرا آنها نویزهای فرکانس بالا را در داده‌ها فیلتر می‌کنند تا روند محلی را بر اساس وابستگی خطی در مشاهدات سری تشخیص دهند. مدل ARIMA می‌تواند روابط پویا را ادغام کرده و مدل را براساس آخرین رویدادها به روز کند. از این رو، مدل‌های ARIMA به طور گسترده‌ای برای پیش‌بینی سری‌های زمانی اپیدمی از جمله تب خونریزی‌دهنده، تب دانگ و سل استفاده شده است. برای بیماری‌های عفونی بعدی و سایر بیماری‌های عفونی، فصلی بودن یک جنبه مهم است (۲۳). با استفاده از ARIMA فصلی (SARIMA) و شبکه عصبی اتورگرسیون (SARIMA-NNAR) بروز سل و فصلی بودن آن در آفریقای جنوبی مورد بررسی قرار گرفت. این رویکرد یادگیری ماشینی، نیاز به مقابله با مشکلات عفونت توام، به ویژه با اچ‌آی‌وی را نشان می‌دهد.

روش‌های دیگر به غیر از ARIMA می‌تواند خطرات

تعدادی از بیماری‌های NCD مانند دیابت، بیماری‌های قلبی عروقی، فشار خون بالا و غیره را در طی ۵ سال جمع‌آوری کرده است (۱۷). داده‌های ۳۰ ایالت برای آموزش مورد استفاده قرار گرفت و در ۲۰ ایالت دیگر آزمایش شد. این مقدار عظیم داده و مدل‌سازی، یادگیری ماشینی را قادر می‌سازد تا به یک خروجی نزدیک به واقعیت برسد. آنچه NCD را تعریف می‌کند عدم انتقال از بیمار به بیمار به دلیل مجاورت یا قرارگیری در محیط مشترک در مدت زمان کوتاه است. این برعکس همان چیزی است که بیماری‌های عفونی را تعریف می‌کند، زیرا این بیماری‌ها می‌توانند در مدت زمان بسیار کوتاهی از فردی به فرد دیگر منتقل شوند. شدت علائم و مرگ و میر حاصل از عفونت، از عوامل موثر بر فوریت پیش‌بینی بزرگی بیماری در آینده و محل اپیدمی می‌باشد. بسیاری از روشهای یادگیری ماشینی که در این مقاله ارائه شده‌اند علاوه بر ارائه نشانه‌هایی در مورد اندازه و مکان، که غالباً اطلاعات اشتراکی است، بصورت ابتدایی توسط ریاضیدانان برای تخمین متغیرهای مربوط به عفونت (به عنوان مثال، زمان انکوباسیون، حالت سرایت، علائم، مقاومت در برابر درمانها) استفاده می‌شود.

داده‌های ورودی برای مطالعات اپیدمیولوژیک بسیار متنوع است و آنها را قادر می‌سازد تا از توانمندی‌های مختلف هوش مصنوعی استفاده کنند. مطالعات اپیدمیولوژیک ما را قادر می‌سازد که یک اپیدمی در منطقه بسیار کوچکی را پیش‌بینی کنیم، همانطور که اخیراً در مطالعه‌ای در مورد بیماری جنگل (Kyasanur) که یک بیماری عفونی ویروسی منتقله از طریق کبک است، نشان داده شده است (۱۸). با استفاده از شبکه عصبی extremal optimization tuned، تیمی از دانشمندان با قطعیت بالایی پیش‌بینی کردند و داده‌های محلی را برای کنترل بهتر سرایت، در پایگاه داده‌های آینده پیشنهاد کردند. شیوع عوامل تهدیدکننده زندگی، مانند ابولا، جامعه را به سمت نوآوری در زمینه پیش‌بینی سوق داده است. دانشمندان با استفاده از یادگیری ماشینی، یک شبکه عصبی مصنوعی تک لایه (ANN)، رگرسیون منطقی (LR)، درخت تصمیم

بالقوه مرتبط با شیوع عفونت را نشان دهد. در یک مطالعه در مورد ظهور تب دره ریفت (RFV) در آفریقا و شبه جزیره عربستان روش های یادگیری ماشینی با حداکثر آنتروپی عوامل اصلی تعیین کننده مرتبط با خطر عفونت را شناسایی کرده اند. RVF یک بیماری زئونوز ویروسی مرتبط با بند پا است و خروجی متناوب یادگیری ماشینی تالابها، تعداد قوچه های Bovidae وحشی و تراکم گوسفند را به عنوان اصلی ترین ارتباط با مناسب بودن شرایط برای شیوع RVF شناسایی کرده است (۲۴). تجزیه و تحلیل مقایسه ای اپیدمی H5N1 در مصر روش رانوم فارست را به عنوان روش قوی تری از ARIMA برای پیش بینی شناسایی کرد (۲۰). مشتقات ARIMA مانند مدل شبکه عصبی رگرسیون تعمیم یافته (GRNN) - ARIMA برای پیش بینی و کنترل بیماری سل در محیطی دور از ایده آل از نظر جابجایی جمعیت بالا و سابقه عفونت (HIV) در شهر Heng (چین) استفاده شد. این روش عملکرد برتری را نسبت به مدل های قبلی پیش بینی بروز بیماری سل در آینده نشان می دهد (۲۵) و دوباره تاکید می شود که باید چندین راهبرد به طور موازی اجرا شوند و با زمینه و محیط محلی سازگار شوند.

اغلب اوقات، نه کمیت بلکه کیفیت و ویژگی داده های ورودی است که بر دقت مدل پیش بینی تأثیر می گذارد. به دنبال تلقیح ویروس دنگی توسط پشه ها، تب خونریزی دهنده دنگی می تواند رخ دهد (۵٪ موارد). با استفاده از SVM با کرنل دارای عملکرد شعاعی (basis function Radial) (RBF)، دانشمندان توانستند میزان بالای بیماری را پیش بینی کرده و اقدامات احتیاطی را برای جلوگیری از وقوع چنین مواردی انجام دهند. پارامتری که قادر به دستیابی به دقت بالا بود با آب و هوا ارتباط نداشت بلکه با میزان آلودگی پشه هایی که ویروس دانگ را منتقل می کنند ارتباط داشت (۲۶). در بیشتر موارد بیماری های عفونی، توقف موفقیت آمیز سرایت معمولاً با توسعه ارتباط دارد (۲۷). در مرحله بعد، استراتژی ها باید بهترین روش برقراری ارتباط و دستیابی به دسته بندی های مختلف را براساس سن، جنس و سایر متغیرهای اقتصادی - اجتماعی مشخص

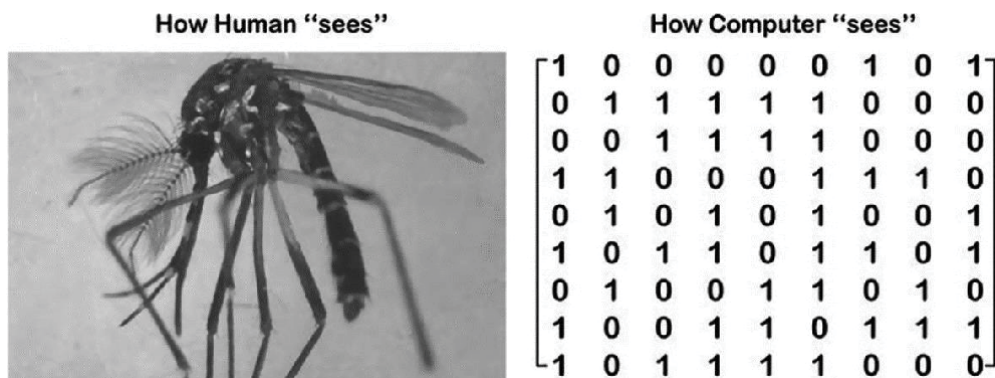
کنند.

همچنین استفاده از هوش مصنوعی برای پیش بینی موارد جهان گیری بیماری های عفونی باید قادر باشد این مسیرهای موازی را برای پیدا کردن راه حل های سازگار ادغام کند. رویکرد تحلیلی سطح بالای هوش مصنوعی که در بالا ارائه شد، هنگامی امکان پذیر است که هر یک از پایگاه های مختلف داده از صحت بالایی برخوردار باشند.

### هوش مصنوعی برای تفهیم سیر بیماری های ایجاد کننده پاندمی

مدل های هوش مصنوعی برای دستیابی انسان به اعمال پیچیده مراقبت های بهداشتی در تفهیم ویژگی های عوامل بیماری زا کارآمدتر می شوند. برای درک تصاویر مختلف، مدل سازی ریاضی ویروس ها و عفونت های مختلف می تواند در درک پویایی عوامل بیماری زا کمک کند (۲۸). شکل ۳ چگونگی ترجمه یک تصویر توسط رایانه را به صورت بردار نشان می دهد. برای مقابله با پاندمی های گسترده، حذف ناقل بسیار مهم است. بسیاری از ویروس ها دارای رویدادها و فرایندهای مشترک مانند چرخه تکثیر ویروسی هستند که برای عفونت مولد مورد نیاز است که اختلال در این فرایند می تواند انتشار ویروس را مختل کند. از دیدگاه درمانی، فرآیند مدل سازی و شبیه سازی پویایی سطح مولکولی SARS-CoV-2 به تفصیل در هر مرحله، علاوه بر خود ویروئین ها، در چنین شرایطی مهم و مطلوب است و می تواند به درک و مدیریت عفونت ویروسی بسیار کمک کند.

هوش مصنوعی می تواند با مدل سازی و شبیه سازی ریاضی از پیشرفت های زیست شناسی ساختاری پشتیبانی کند. هوش مصنوعی و رویکردهای محاسباتی همچنین می توانند از طریق گزارش در حوزه های مختلف زمانی و مکانی علاوه بر قدرت پیش بینی قابل ملاحظه، در پر کردن شکاف اطلاعات بین آزمایش ها کمک کننده باشد.



شکل ۳- تصویر سیستم‌های انسانی با زبان برنامه نویسی (کدهای باینری) جهت تفسیر در سیستم‌های هوش

### درمان‌ها و مقاومت دارویی ضد میکروبی

علی‌رغم توانایی خوب در تشخیص مالاریا و احتمالاً بهبود تشخیص در آینده نزدیک، مشکل جدی مقاومت به داروهای ضد باکتری و ضد انگلی وجود دارد (۲۹). دستورالعمل درمان‌های ترکیبی مبتنی بر آرتمیسیسین که در ۲۰ سال پیش تایید شده بود، اکنون با ظهور انگل‌های مالاریای پلاسمودیوم فالسیپاروم با کاهش حساسیت به این درمان‌ها به چالش کشیده شده است. مدل‌سازی ریاضی با استفاده از روابط فارماکوکینتیک-فارماکودینامیکی مخصوص مرحله داخل میزبانی انگل پیش‌بینی کرد که مقاومت به آرتمیسیسین در نتیجه مقاوم شدن مراحل حلقه‌ای (Ring stages) در برابر اثر دارو است (۳۰). با وجود پایگاه‌های داده (۳۱) که منعکس‌کننده مقاومت‌های آنتی‌بیوتیکی است، می‌توان با این پدیده بهتر مقابله کرد. پایگاه جامع مقاومت آنتی‌بیوتیکی (Comprehensive CARD: antibiotic resistance database) حاوی داده‌های مرجع بر اساس مولکولی مقاومت ضد میکروبی است (<http://arpcard.mcmaster.ca>). پایگاه از لحاظ ساختاری، مدل محور است و گستره کلاس‌ها و سازوکارهای داروهای ضد میکروبی را در بر می‌گیرد. مطالعات اخیر همچنین استفاده از یادگیری ماشینی را در شناسایی موثر ظرفیت ضد میکروبی بالقوه ترکیباتی که نامزد آنتی‌بیوتیک هستند نشان داده است (۳۲). در یک مسیر گسترده‌تر، Ekins و همکاران از یک سری روش‌های یادگیری ماشینی برای پیش‌بینی پاسخ به عفونت سل در موش‌ها استفاده کرده‌اند (۳۳).

که شامل مدل‌های طبقه‌بندی لاپلاس-بایس ساده اصلاح شده (Laplacian-corrected naïve Bayesian classifier models) و مدل‌های SVM با استفاده از مدل‌های محاسباتی Discovery Studio 4.1 است که توسط اعتبارسنجی متقابل leave-one-out تأیید شدند، که در آن هر نمونه یک بار کنار گذاشته می‌شد، یک مدل با استفاده از نمونه‌های باقیمانده ساخته می‌شد و از آن مدل برای پیش‌بینی نمونه مانده استفاده می‌شد. داده‌های مدل بایس به وضوح نشان می‌دهد که این مدل وقتی با داده‌های تولید شده توسط آزمایشگاه‌های مختلف در مدل‌های مختلف موشی ساخته شوند، می‌توانند ارزش پیش‌بینی داشته باشند و می‌توانند در رابطه با سایر مجموعه‌های داده برای انتخاب مناسب‌ترین ترکیب ضد میکروبی استفاده شوند. همین رویکردهای ریاضی را می‌توان در یک هدف بسیار خاص برای داروهای بالقوه انجام داد (۳۴) یا برای تجزیه و تحلیل سیستماتیک‌تر می‌تواند انجام شود نظیر آنچه که در مورد تجزیه و تحلیل مهارکننده‌های شناخته شده فروکتوز بیس فسفات آلدولاز، که آنزیم اصلی در مسیر گلیکولیز مایکوباکتریوم توبریکولوزیس است و بازیگر اساسی در متابولیسم باکتری است (۳۲). از الگوریتم‌های بایس ساده، راندوم فارست و C4.5 J48 به منظور بهبود مدل‌ها با جلوگیری از overfitting و تولید مدل‌های سریع‌تر و مقرون به صرفه تر استفاده می‌شود. به طور کلی، مطالعات قبلی (۳۵) نشان می‌دهد که یادگیری ماشینی دقت خوبی برای تأیید اعتبار سایر مطالعات به روش *in silico* فراهم

نشان داده است که استفاده از یادگیری ماشین برای شناسایی بهترین کاندیدای واکسن بسیار مهم بود (۳۸). تعداد بسیار کمی از سیستم‌ها برای تأیید پایبندی به درمان‌های مرتبط با عفونت به صورت گسترده وجود دارد. در مورد HIV، روش پیگیری پیشرفت عفونت اندازه‌گیری میزان RNA HIV با آزمایش خون است. این روش برای تنظیم درمان بسیار کارآمد است اما در شرایط منابع کم به ندرت مقرون به صرفه است. از آنجا که پیشرفت عفونت آچ آی وی بسیار به درمان ضد رترو ویروسی بستگی دارد (۳۹)، اطمینان از اینکه درمان به درستی انجام می‌شود و صرفاً میزان ویروس به دلیل عدم پایبندی به درمان، تحت تأثیر قرار نمی‌گیرند از اهمیت زیادی برخوردار می‌شود. در جمعیت‌های در معرض خطر نقص ویروسی، اجرای یک رویکرد حساس ممکن است ما را قادر به شناسایی افراد با پایبندی به درمان نامنظم و کمک به بهبود وضعیت سلامتی آنها، کاهش هزینه‌های آزمایش‌های تکراری و افزایش آگاهی در مورد لزوم رعایت رژیم‌های درمانی کند. داده‌های خود گزارش شده و نوع پرسشنامه معمولاً دارای حساسیت کم (۵۰٪ یا کمتر) هستند. یکی از راه‌های پیگیری مناسب‌تر میزان رعایت مصرف مناسب داروی ضد ویروس تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از داروخانه است. طبقه‌بندی عدم رعایت رژیم دارویی که توسط داروخانه‌ها کامل شده بودند به طور قابل توجهی بهتر از داده‌های خود گزارش شده بود (۴۰). در یک مطالعه اخیر بر این موضوع تمرکز شده است (۴۱) که در آن رعایت مصرف داروها توسط یک سیستم نظارت دنبال شد که بالاترین کیفیت داده‌ها را در مقایسه با خود گزارشی، داده‌های داروخانه یا سایر داده‌ها را فراهم می‌کند. این دستگاه یک درپوش است که روی قوطی‌های استاندارد دارو قرار می‌گیرد و هنگام باز و بسته شدن قوطی زمان و تاریخ را ثبت می‌کند. هدف از این امر ارتقاء دقت داده‌ها به منظور برآورد بهتر پیروی از روش‌های درمانی و چگونگی تأثیر آن بر تخریب ویروس بود. داده‌های تولید شده توسط این نوع از دستگاه‌ها با Super Learner (۴۲)، یک الگوریتم سازگار با داده بر اساس اعتبار سنجی از طریق خرد کردن داخلی چندین

می‌کند که این روش‌ها برای غربالگری مجموعه‌های داده بزرگ به منظور شناسایی کاندیداهای ضد عفونی بالقوه مورد استفاده قرار می‌گیرند. در راستای این امر، Shen و همکاران به روشنی نشان داده‌اند که چگونه می‌توان با استفاده از مدل‌های ریاضی به درمان‌ها کمک کرد (۳۶). Shen و همکاران یک سیستم پشتیبانی تصمیم ارائه داده‌اند که می‌تواند یک درمان آنتی‌بیوتیکی متناسب با بیمار را پیشنهاد کند که بر اساس عواملی مانند درجه حرارت بدن، محل عفونت، علائم / نشانه‌ها، عوارض، طیف آنتی‌باکتریال و حتی موارد منع مصرف و تداخلات دارویی با سایر داروها انتخاب شود. این به لطف مجموعه قابل توجهی از داده‌های مورد استفاده برای ساخت مدل امکان‌پذیر بود. این سیستم شامل ۵۰۷ بیماری عفونی و روش‌های درمانی آنها در ترکیب با ۳۳۲ مکان مختلف عفونت، ۹۳۶ علامت مربوط به دستگاه گوارش، دستگاه تولید مثل، دستگاه عصبی و سایر سیستم‌ها، ۳۷۱ نوع عارضه، ۸۳۸۴۰۷ نوع باکتری، ۳۴۱ نوع آنتی‌بیوتیک، ۱۵۰۴ جفت مدل واکنش (طیف ضد باکتری) بین آنتی‌بیوتیک‌ها و باکتری‌ها، ۴۳۱ جفت روابط متقابل دارویی و ۸۶ جفت روابط خاص منع مصرف جمعیت خاص آنتی‌بیوتیک بود. در مطالعه‌ی دیگر، مدل‌هایی به منظور کاهش استفاده از آنتی‌بیوتیک‌ها ایجاد شده است. نوزادان می‌توانند سندرم پاسخ التهابی سیستمیک (SIRS) را تجربه کنند که علائمی است که توسط عوامل بیماری‌زا (سپسیس) یا عوامل غیر عفونی ایجاد می‌شوند. از آنجا که تشخیص واضح و سریع با استفاده از تست‌های آزمایشگاهی کلاسیک دشوار است، نشان داده شده که با استفاده از یک روش راندوم فارست می‌توان بهترین مجموعه پیش‌بینی‌کننده‌ها را از متغیرهای غیرآزمایشگاهی و زودهنگام را شناسایی کرد (۳۷). در کنار آنتی‌بیوتیک‌ها، آنتی‌بادی‌ها در محافظت در برابر عفونت ویروسی بسیار موثر هستند. اساس واکسیناسیون ایجاد یک پاسخ حافظه‌ایمنی موثر است که بعداً در مواجهه واکسن با ویروس اثر گذار است. این امر از طریق تولید آنتی‌بادی‌هایی اتفاق می‌افتد که در جلوگیری از تکثیر ویروس نقش دارند. مطالعات

Artificial intelligence	Infectious diseases	outcomes
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Bayesian networks</li> <li>• Weak signal detection</li> <li>• Artificial neural network</li> <li>• Fuzzy clustering</li> <li>• Support vector machine</li> <li>• Artificial immune recognition system</li> <li>• k-Nearest neighbor</li> <li>• Decision tree</li> <li>• Random forest</li> <li>• ARIMA</li> <li>• 3-step floating catchment area</li> <li>• Unsupervised learning</li> <li>• Super learner</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Pathogen mutation</li> <li>• Diagnosis</li> <li>• Zoonosis</li> <li>• Outbreak</li> <li>• Source of infection</li> <li>• Epidemic prediction</li> <li>• Pandemic prediction</li> <li>• Resistance prediction</li> <li>• Drug discovery</li> <li>• Host genetic</li> <li>• Host-pathogen interaction</li> <li>• Adherence to therapy</li> <li>• Missing data</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Decision support</li> <li>• Reducing time for diagnosis, epidemic prediction, drug discovery</li> <li>• Identification of strategies for blocking transmission</li> <li>• Enabling low-income countries</li> <li>• Improving health</li> <li>• Saving life</li> <li>• Saving costs</li> <li>• Better be prepared</li> <li>• Personalized medicine</li> <li>• Forensic approach</li> </ul>

**شکل ۴-** ابزارهای هوش مصنوعی، استفاده از آنها و نتایج بالقوه. مجموعه ابزارهای یادگیری ماشینی (بدون خستگی) که در زمینه بیماری‌های عفونی و جنبه‌های هدف آنها استفاده می‌شود. نتایج پیش‌بینی شده از سهم هوش مصنوعی ارائه شده است.

های افراطی و رویدادهای نادر از اهمیت بالایی برای ارزیابی خطر شدید برخوردار هستند (۴۳). در زمینه بیماری‌های عفونی، خطرهای کم‌تکرار، نظریه ارزش افراطی و مدل تجزیه و تحلیل رویدادهای نادر را برای نمایش عدم قطعیت مرتبط با خطر عفونت به وجود می‌آورد. بدیهی است که داشتن یک نمایش عدم قطعیت پیچیده و متناسب با داده‌ها برای تشخیص صحیح ریسک عفونت از اهمیت بالایی برخوردار است (مقادیر افراطی). مطالعه و استفاده از نظریه ارزش افراطی به ما امکان می‌دهد که سیگنال‌های ضعیف را در داده‌های بزرگ ساختار یافته و بدون ساختار تشخیص دهیم. باید دانست که وقتی ما از روش‌های کاهش ابعاد استفاده می‌کنیم، ممکن است سیگنال ضعیف در نهایت از بین برود. در عصر هوش مصنوعی و محاسبات توزیع شده می‌توانیم تا حدی بر مشکل بزرگی ابعاد غلبه کنیم. این امر نباید با ابزارهای کلاسیک هوش مصنوعی گیج‌کننده باشد زیرا تئوری ارزش افراطی شاخه‌ای از آمار است که می‌خواهد از یک نمونه مرتب داده شده احتمال وقایع را بیش از آنچه قبلاً مشاهده شده ارزیابی کند. در مرحله بعد این امر یک رویکرد آماری با ابعاد فوق‌العاده است. چندین تلاش برای استفاده از تئوری ارزش افراطی در الگوریتم‌های یادگیری ماشینی و عمیق مانند روش ماشین با ارزش افراطی توسط Rudd و همکاران انجام شده است (۴۲).

داده تجزیه و تحلیل می‌شود. باز هم استفاده از یادگیری ماشینی بسیار کارآمد بود و توانست طبقه‌بندی تخریب ویروسی را در بیش از ۱۰۰۰ بیمار در کوهورت ایالات متحده بهبود بخشد. ترکیبی از یادگیری ماشین با پیگیری استاندارد HIV (شمارش سلولهای CD4+ T) و رژیم درمانی ضد ویروسی به طور قابل توجهی طبقه‌بندی (ROC=0.8) را در مقایسه با سیستم نظارت الکترونیکی به تنهایی بهبود می‌بخشد. سهم یادگیری ماشینی در این زمینه کاهش ضرورت انجام آزمایشات بار ویروسی (بصورت ۱ به ۳) با حساسیت برای تشخیص تخریب ویروسی در بیش از ۹۵٪ موارد است که معادل صرفه جویی در وقت، منابع و بهبود زندگی می‌باشد. در کل، آن دسته از کاربردهای یادگیری ماشینی، که در شکل ۴ خلاصه شده است، مدیریت بیماری‌های عفونی را بسیار بهبود بخشیده است. در حالی که این جدول پتانسیل عظیم AI را نشان می‌دهد، هنوز جنبه‌های بسیاری وجود دارد که به منظور استفاده کامل از ظرفیت AI برای ریشه‌کن کردن عوامل بیماری‌زای ناخواسته، کاهش بار ویروس‌های فصلی و درک بهتر فعل و انفعالات بین عوامل بیماری‌زا و انسان، به دنبال راه کار هستند.

#### نظریه ارزش افراطی (Extreme value theory)

در حوزه پزشکی، اکثر داده‌ها مربوط به رفتارهای عادی و مشاهدات مشکوک شناخته شده است. ارزش

## Major sources of nosocomial infections

Patient-derived	Hospital environment
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Nasopharyngeal</li> <li>• Gastro-intestinal</li> <li>• Skin/scalp</li> <li>• Genito-urinary</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Instruments/medication</li> <li>• Food/air</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Healthy carriers</li> <li>• Infected</li> <li>• Transient carriers</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Catheters (urinary and vascular)</li> <li>• Tracheal tubes/drain tubes</li> <li>• Open wounds</li> <li>• Endoscope/biopsy</li> </ul>
Personnel-derived	Medical devices

شکل ۵- منابع عمده عفونت‌های بیمارستانی. توسعه الگوریتم‌ها برای شناسایی اولیه عفونت‌های بیمارستانی با در نظر گرفتن منابع سرایت است.

دیده می‌شود، باید به عنوان یک فرصت نیز تلقی شود. از این رو، بیمارستان‌ها، کلینیک‌ها و سایر موسسات نظارتی باید آن را به عنوان فرصت ببینند. کارهای اخیر مزیت تلفیق رویکردهای هوش مصنوعی را برای تشخیص بهتر نشان داده است. مثلاً، ثابت شده است که سونوگرافی ابزاری مفید برای تأیید تشخیص عفونت ریه یا پنومونی است. این تشخیص به دو عامل تخصص اپراتور و سوگیری بالقوه در هنگام تفسیر توسط پزشک بستگی دارد. برای درجه بندی اتوماتیک ذات الریه از تشخیص بر اساس الگو و تجزیه و تحلیل تصویر استفاده شده است (۴۵). شبکه عصبی انفیلتراسیون ذات الریه را به درستی شناسایی کرده است (حساسیت بالاتر از ۹۰ درصد و ویژگی ۱۰۰ درصد). علاوه بر این، اطلاعات جغرافیایی مربوط به بیماری‌های عفونی باید با سوابق پزشکی و تاریخیچه بیماران مطابقت داشته باشد (۴۶). بسیار مهم است که بلافاصله ارتباط بین موقعیت و سایر ویژگی‌های بیماران مانند فعالیت‌های حرفه‌ای، محیط خانواده، نوع مسکن، تماس با حیوانات و غیره مشخص شود. آمادگی بیشتر برای اپیدمی‌ها در بیمارستان با توجه به تعداد تخت‌ها، و فعال‌سازی اقدامات خاص برای جلوگیری از سرایت عفونت مورد آزمایش قرار می‌گیرد.

در حال حاضر چندین سیستم جمع‌آوری داده در سیستم‌های مراقبت‌های بهداشتی استفاده می‌شوند. اما برای بهره‌مندی قابل توجه از میزان داده‌های موجود،

### استراتژی‌های پیاده‌سازی هوش مصنوعی در موسسات مراقبت‌های بهداشتی

اینترنت اشیا اطلاعات بی‌شماری در مورد عادات ما جمع‌آوری می‌کند. ما می‌توانیم پیش‌بینی کنیم که رشته پزشکی نیز از اینترنت اشیا بسیار سود می‌برد. بیشتر آزمایش‌های آزمایشگاهی بالینی به صورت خودکار انجام می‌شوند و پیچیدگی داده‌های تولید شده می‌تواند بیشتر شود. استراتژی‌های پیاده‌سازی هوش مصنوعی در موسسات مراقبت‌های بهداشتی هنوز باید تدوین شود (۴۴). هدف اول راه‌اندازی یک سیستم پیشرفته‌ی مدیریت داده است. در حالی که در اکثر بیمارستان‌ها و کلینیک‌ها چنین سیستم‌هایی وجود دارد، این سیستم‌ها اغلب منسوخ می‌شوند زیرا با نوع داده‌ای که امروزه تولید می‌کنیم سازگار نیستند. در پیگیری مداوم بیماری‌های عفونی، بیمارستان‌ها باید روشی سیستماتیک برای پیش‌بینی ظهور عفونت‌های بیمارستانی داشته باشند (شکل ۵). برای رسیدن به چنین سطح پیش‌بینی، موارد مختلفی وجود دارد که باید در نظر گرفته شود: (۱) ارتقا مهارت در هوش مصنوعی، (۲) ایجاد هم‌افزایی بین ریاضیدانان، زیست‌شناسان و پزشکان و (۳) توسعه فرهنگ پیرامون هوش مصنوعی همانطور که برای پیشرفت‌های قبلی فن‌آوری انجام شده است. البته این اجرا با مشکلات فراوانی همراه است. با این حال، در حالی که هوش مصنوعی به طور گسترده‌ای به عنوان تهدیدی برای مشاغل "مشترک"

۳۰۰،۰۰۰ بیمار پذیرفته شده و دانستن این که کلستری‌دیوم دی‌فیسیل از طریق تماس‌های فیزیکی منتشر می‌شود، هرگونه تعامل احتمالی بین بیماران هنگام ایجاد الگوریتم مورد توجه قرار گرفت. ابزار دیگری به نام Connected Care که توسط شرکت Royal Phillips ساخته شده است، امکان کاهش ۸۷ درصدی زمان شناسایی عفونت بیمارستانی را در بیمارستان‌ها فراهم می‌کند، که نشان می‌دهد استفاده بیشتر از چنین کاربردی می‌تواند به میزان قابل توجهی مرگ و میر ناشی از عفونت‌های بیمارستانی را کاهش دهد (۵۰).

### نتیجه‌گیری

همانطور که با مثال‌های بحث شده در این مقاله نشان داده شده است، استفاده از هوش مصنوعی و یادگیری ماشینی بسیار امیدوارکننده است. در حالی که دسترسی به دارو در کشورهای در حال توسعه هنوز یک محدودیت (مالی) است، استفاده از هوش مصنوعی برای قطع زنجیره سرایت ممکن است به بهترین راهکار مقرون به صرفه در طولانی مدت تبدیل شود. همانطور که در این مقاله بحث شد، ساختار داده‌ها یک قسمت اساسی است که باید در بالادست تعریف شود تا ادغام و تجزیه و تحلیل چنین اشتراک داده‌ای امکان پذیر باشد. با افزایش مبادلات کالا و سفر، خطرات انتشار بیماری‌های عفونی کاهش نمی‌یابد، مگر اینکه تصمیمات استراتژیک در سطح جهانی در مورد اجرای معماری داده‌های بزرگ و ادغام آنها در راه حل‌های مبتنی بر هوش مصنوعی اتخاذ شود. همچنین می‌توان منتظر اجرای سیاست‌ها ماند. به عنوان مثال، روش‌های شخصی برای خطر بیماری‌های عفونی پیشنهاد شده است. هرچند، هم رویکردهای گستره جمعیتی و هم روش‌های شخصی هر دو باید ایجاد شوند زیرا بیماری‌های عفونی دارای قدرت عفونت‌زایی، زمان کمون و مدل‌های سرایت مختلف هستند و بسته به میزبان به علائم مختلف منجر می‌شوند.

### References

1. Vaishya R, Javaid M, Khan IH, Haleem A.

فرصت بیشتری برای توسعه وجود دارد. اخیراً شرکت Catalia Health یک ربات انسان نما به نام Mabu تولید کرده که دستیار بهداشت شخصی برای بیمارانی است که از نارسایی احتقانی قلب رنج می‌برند و علاوه بر پیگیری دقیق پیروی از دستورالعمل مصرف دارو، از یک مکالمه قابل فهم برای بیماران در مورد وضعیت کلی سلامتی ایشان پشتیبانی می‌کند (۴۷). البته، چنین پیگیری منظمی در بخش مراقبت‌های ویژه در کنار تعامل با پرسنل پزشکی، پزشکان را قادر به پیگیری و کاهش سرایت عفونت می‌نماید. بیمارستان‌ها و کلینیک‌های دانشگاه آیووا طی ۵ سال گذشته از یادگیری ماشینی برای کاهش عفونت‌های محل جراحی تا ۷۴٪ استفاده کرده‌اند. با استفاده از سیستم‌های تجزیه و تحلیل DASH، بیمارستان‌ها از پلتفرم مراقبت کیفیت بالا (HDCP) استفاده می‌کنند و با تمرکز بر عفونت‌های ناشی از جراحی، این سیستم از چک لیست ایمنی جراحی WHO استفاده می‌کند (۴۸). چک لیست شامل سه مرحله از جراحی است: (۱) قبل از القای بیهوشی، (۲) قبل از اولین برش پوست و (۳) قبل از اینکه بیمار اتاق عمل را ترک کند. پزشک باید اطمینان حاصل کند که پروتکل صحیح مراقبت رعایت شده است. هنگامی که این داده‌ها و داده‌های حاصل از سوابق الکترونیکی سلامت موجود جمع‌آوری می‌شود، سیستم DASH همه را به یک مدل پیش‌بینی وارد می‌کند و خطرات احتمالی را شناسایی می‌کند. این امر ما را قادر می‌سازد که درمان‌های پرهزینه را فقط برای بیمارانی ارائه دهیم که به آنها نیاز دارند. در بیمارستان دیگری، یک الگوریتم جدید می‌تواند خطر ابتلای بیمار به کلستری‌دیوم دی‌فیسیل که یکی از عوامل عفونت‌های بیمارستانی کشنده است را پیش‌بینی کند. هر ساله در ایالات متحده بیش از ۴۰۰،۰۰۰ نفر پس از بستری شدن در بیمارستان به این باکتری مبتلا می‌شوند و حدود ۳۰،۰۰۰ نفر از آنها به دلیل عفونت می‌میرند (۴۹). در یک مطالعه تعدادی از پزشکان و متخصصین کامپیوتر در بیمارستان عمومی ماساچوست با هم همکاری کردند تا از AI برای پیش‌بینی استفاده کنند. با استفاده از یک مجموعه داده حاصل از بیش از

- Artificial Intelligence (AI) applications for COVID-19 pandemic. *Diabetes Metab Syndr: Clin Res Rev.* 2020;14(4):337-9.
2. da Silva Motta D, Badaró R, Santos A, Kirchner F. Use of Artificial Intelligence on the Control of Vector-Borne Diseases. *Vectors and Vector-Borne Zoonotic Diseases.* 2018.
  3. Davies SE. Artificial intelligence in global health. *Ethics Int Affairs.* 2019;33(2):181-92.
  4. Silver D, Huang A, Maddison CJ, Guez A, Sifre L, Van Den Driessche G, et al. Mastering the game of Go with deep neural networks and tree search. *Nature.* 2016;529(7587):484-9.
  5. Dick S. Artificial intelligence. 2019.
  6. Hamet P, Tremblay J. Artificial intelligence in medicine. *Metabolism.* 2017;69:S36-S40.
  7. Agrebi S, Larbi A. Use of artificial intelligence in infectious diseases. *Artificial intelligence in precision health: Elsevier;* 2020. p. 415-38.
  8. Chen JH, Asch SM. Machine learning and prediction in medicine—beyond the peak of inflated expectations. *N Eng J Med.* 2017;376(26):2507.
  9. Boon IS, Au Yong T, Boon CS. Assessing the role of artificial intelligence (AI) in clinical oncology: utility of machine learning in radiotherapy target volume delineation. *Medicines.* 2018;5(4):131.
  10. Im H, Pathania D, McFarland PJ, Sohani AR, Degani I, Allen M, et al. Design and clinical validation of a point-of-care device for the diagnosis of lymphoma via contrast-enhanced microholography and machine learning. *Nature Biomed Eng.* 2018;2(9):666-74.
  11. Xu J, Wickramaratne TL, Chawla NV. Representing higher-order dependencies in networks. *Sci Adv.* 2016;2(5):e1600028.
  12. Belle A, Kon MA, Najarian K. Biomedical informatics for computer-aided decision support systems: a survey. *Sci World J.* 2013;2013.
  13. Al-Turjman F. Artificial intelligence in IoT: Springer; 2019.
  14. Thiébaud R, Thiessard F. Artificial intelligence in public health and epidemiology. *Yearbook of medical informatics.* 2018;27(1):207-210.
  15. Bragazzi NL, Dai H, Damiani G, Behzadifar M, Martini M, Wu J. How Big Data and Artificial Intelligence Can Help Better Manage the COVID-19 Pandemic. *Int J Environ Res Public Health.* 2020;17(9):3176.
  16. Rodríguez-González A, Zanin M, Menasalvas-Ruiz E. Public health and epidemiology informatics: can artificial intelligence help future global challenges? An overview of antimicrobial resistance and impact of climate change in disease epidemiology. *Yearbook of Medical Informatics.* 2019;28(01):224-31.
  17. Luo W, Nguyen T, Nichols M, Tran T, Rana S, Gupta S, et al. Is demography destiny? Application of machine learning techniques to accurately predict population health outcomes from a minimal demographic dataset. *PloS One.* 2015;10(5):e0125602.
  18. Majumdar A, Debnath T, Sood SK, Baishnab KL. Kyasanur forest disease classification framework using novel extremal optimization tuned neural network in fog computing environment. *J Med Syst.* 2018;42(10):1-16.
  19. Colubri A, Silver T, Fradet T, Retzepi K, Fry B, Sabeti P. Transforming clinical data into actionable prognosis models: machine-learning framework and field-deployable app to predict outcome of Ebola patients. *PLoS Negl Trop Dis.* 2016;10(3):e0004549.
  20. Kane MJ, Price N, Scotch M, Rabinowitz P. Comparison of ARIMA and Random Forest time series models for prediction of avian influenza H5N1 outbreaks. *BMC Bioinfo.* 2014;15(1):1-9.
  21. Zhang X, Zhang T, Young AA, Li X. Applications and comparisons of four time series models in epidemiological surveillance data. *Plos One.* 2014;9(2):e88075.
  22. Azeez A, Obaromi D, Odeyemi A, Ndege J, Muntabayi R. Seasonality and trend forecasting of tuberculosis prevalence data in Eastern Cape, South Africa, using a hybrid model. *Int J Environ Res Public Health.* 2016;13(8):757.
  23. Mohammed SH, Ahmed MM, Al-Mousawi AM, Azeez A. Seasonal behavior and forecasting trends of tuberculosis incidence in Holy Kerbala, Iraq. *Int J Mycobacteriol.* 2018;7(4):361.
  24. Walsh MG, Willem de Smalen A, Mor SM. Wetlands, wild Bovidae species richness and sheep density delineate risk of Rift Valley fever outbreaks in the African continent and Arabian Peninsula. *PLoS Negl Trop Dis.* 2017;11(7):e0005756.
  25. Wei W, Jiang J, Gao L, Liang B, Huang J, Zang N, et al. A new hybrid model using an autoregressive integrated moving average and a generalized regression neural network for the incidence of tuberculosis in Heng County, China. *Am J Trop Med Hyg.* 2017;97(3):799.
  26. Kesorn K, Ongruk P, Chompoonsri J, Phumee A, Thavara U, Tawatsin A, et al. Morbidity rate prediction of dengue hemorrhagic fever (DHF) using the support vector machine and the Aedes aegypti infection rate in similar climates and geographical areas. *PloS One.* 2015;10(5):e0125049.
  27. Saybani MR, Shamsheerband S, Golzari S, Wah TY, Saeed A, Kiah MLM, et al. RAIRS2 a new expert system for diagnosing tuberculosis with real-world tournament selection mechanism inside artificial immune recognition system. *Med Biol Eng Comput.* 2016;54(2-3):385-99.
  28. Dananjayan S, Raj GM. Artificial Intelligence during a pandemic: The COVID-19 example. *Int J Health Plan Manag.* 2020.
  29. Blasco B, Leroy D, Fidock DA. Antimalarial drug resistance: linking Plasmodium falciparum

- parasite biology to the clinic. *Nature Med.* 2017;23(8):917-28.
30. Saralamba S, Pan-Ngum W, Maude RJ, Lee SJ, Tarning J, Lindegårdh N, et al. Intra-host modeling of artemisinin resistance in *Plasmodium falciparum*. *Proceed Natl Acad Sci.* 2011;108(1):397-402.
31. Jia B, Raphenya AR, Alcock B, Waglechner N, Guo P, Tsang KK, et al. CARD 2017: expansion and model-centric curation of the comprehensive antibiotic resistance database. *Nucleic Acids Res.* 2016;gkw1004.
32. Wang Y, Yang YJ, Chen YN, Zhao HY, Zhang S. Computer-aided design, structural dynamics analysis, and in vitro susceptibility test of antibacterial peptides incorporating unnatural amino acids against microbial infections. *Comput Methods Programs Biomed.* 2016;134:215-23.
33. Ekins S, Perryman AL, Clark AM, Reynolds RC, Freundlich JS. Machine learning model analysis and data visualization with small molecules tested in a mouse model of *Mycobacterium tuberculosis* infection (2014–2015). *J Chem Info Model.* 2016;56(7):1332-43.
34. Djaout K, Singh V, Boum Y, Katawera V, Becker HF, Bush NG, et al. Predictive modeling targets thymidylate synthase ThyX in *Mycobacterium tuberculosis*. *Sci Rep.* 2016;6(1):1-11.
35. Zhang X, Amin EA. Highly predictive support vector machine (SVM) models for anthrax toxin lethal factor (LF) inhibitors. *J Mol Graphics Model.* 2016;63:22-8.
36. Shen Y, Yuan K, Chen D, Colloc J, Yang M, Li Y, et al. An ontology-driven clinical decision support system (IDDAP) for infectious disease diagnosis and antibiotic prescription. *Artific Intellig Med.* 2018;86:20-32.
37. Lamping F, Jack T, Rübsamen N, Sasse M, Beerbaum P, Mikolajczyk RT, et al. Development and validation of a diagnostic model for early differentiation of sepsis and non-infectious SIRS in critically ill children—a data-driven approach using machine-learning algorithms. *BMC Pediatr.* 2018;18(1):1-11.
38. Choi I, Chung AW, Suscovich TJ, Rerks-Ngarm S, Pitisuttithum P, Nitayaphan S, et al. Machine learning methods enable predictive modeling of antibody feature: function relationships in RV144 vaccinees. *PLoS Comput Biol.* 2015;11(4):e1004185.
39. Petersen ML, Van Der Laan MJ, Napravnik S, Eron JJ, Moore RD, Deeks SG. Long term consequences of the delay between virologic failure of highly active antiretroviral therapy and regimen modification. *AIDS (London, England).* 2008;22(16):2097.
40. Bisson GP, Gross R, Bellamy S, Chittams J, Hislop M, Regensberg L, et al. Pharmacy refill adherence compared with CD4 count changes for monitoring HIV-infected adults on antiretroviral therapy. *PLoS Med.* 2008;5(5):e109.
41. Petersen ML, LeDell E, Schwab J, Sarovar V, Gross R, Reynolds N, et al. Super learner analysis of electronic adherence data improves viral prediction and may provide strategies for selective HIV RNA monitoring. *J Acquir Immune Defic Syndr (1999).* 2015;69(1):109.
42. Van der Laan MJ, Polley EC, Hubbard AE. Super learner. *Statistical applications in genetics and molecular biology.* 2007;6(1).
43. Rudd EM, Jain LP, Scheirer WJ, Boulton TE. The extreme value machine. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence.* 2017;40(3):762-8.
44. Beeler C, Dbeibo L, Kelley K, Thatcher L, Webb D, Bah A, et al. Assessing patient risk of central line-associated bacteremia via machine learning. *Am J Infect Control.* 2018;46(9):986-91.
45. Correa M, Zimic M, Barrientos F, Barrientos R, Román-Gonzalez A, Pajuelo MJ, et al. Automatic classification of pediatric pneumonia based on lung ultrasound pattern recognition. *PloS One.* 2018;13(12):e0206410.
46. Hay SI, Battle KE, Pigott DM, Smith DL, Moyes CL, Bhatt S, et al. Global mapping of infectious disease. *Philosophic Transac Royal Soc B: Biol Sci.* 2013;368(1614):20120250.
47. Dhimolea TK, Kaplan-Rakowski R, Lin L. Supporting Social and Emotional Well-Being with Artificial Intelligence. *Bridging Human Intelligence and Artificial Intelligence: Springer; 2022.* p. 125-38.
48. Wang N. Application of DASH client optimization and artificial intelligence in the management and operation of big data tourism hotels. *Alexandria Eng J.* 2022;61(1):81-90.
49. Moradi Gh, Becheshk SM, Esmaeilnasab N, Mohsenpour B, Ramezanzadeh R, Roshani D. Prevalence of resistant *Clostridium difficile* to metronidazole in Iran: a meta analysis. *Univ Med J.* 2019;77(2).
50. Ümit V. *Artificial Intelligence and The New Health Era: University of Twente; 2018.*