مجله علوم پزشکی رازی دوره ۲۹، شماره ۷، مهر ۱۴۰۱ http://rjms.iums.ac.ir

مقاله مروری

مروری بر نقش هوش مصنوعی در تشخیص 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

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 همه گیری جهانی عوامل میکروبی نوپدید مانند COVID-19 شود. پایه‌گذاری و استفاده از هوش مصنوعی می‌تواند به دانشمندان در پیش بینی بیماری‌های عفونی برای جلوگیری از شیوع بیماری همه گیر، 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 پیش بینی 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.

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

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 به‌صورت دسترسی آزاد مطابق با CC BY-NC-SA 3.0 صورت گرفته است.

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

Razi Journal of Medical Sciences. 2022;29(7):189-203. http://rjms.iums.ac.ir

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
Abed 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

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

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.

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

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، فناوری های دیجیتالی مانند هوش مصنوعی (AI) نقش مهمی در مطالعات تحقیقاتی، آزمایشات پزشکی و آزمایشات بالینی در سراسر جهان ایفا می کند. تکنیک های هوش مصنوعی شامل یادگیری ماشینی و یادگیری عمیق می توانند ساختار پروتئینی ویروس را تخریب کرده و همچنین در پیش بینی اثر واکسن می توانند آنتی بادی هایی را در بدن انسان برای مبارزه با ویروس تولید کنند. همچنین می تواند خطر مرگ و میر را با تجزیه و تحلیل کافی داده های قبلی بیماران پیش بینی کند. هوش مصنوعی می تواند با غربالگری جمعیت، کمک پزشکی، اطلاع رسانی و پیشنهادات در مورد کنترل عفونت به ما در مبارزه با این ویروس کمک کند (۱). از مدل‌های هوش مصنوعی می توان برای تجزیه و تحلیل الگوهای نهفته در حجم عظیمی از داده‌ها برای انجام بسیار سریعتر کار های پیچیده طبقه بندی و پیش بینی رویداد ها استفاده کرد. مدل های یادگیری ماشینی و شبکه های عصبی مصنوعی (Artificial Neural Networks: ANN) را می توان بر روی نمونه های بزرگ داده های ساختار یافته و بدون ساختار سلول‌های تحت تأثیر آموزش داد تا بهترین مسیر ممکن را برای از بین بردن ویروس پیش بینی کند (۲). این مقاله مروری با معرفی هوش مصنوعی، به نقش آن در ارائه مراقبت های بهداشتی می‌پردازد که می تواند به مردم در مقابله با بیماری‌های عفونی کمک کند.

هوش مصنوعی در سیستم مراقبت های بهداشتی

در میان ابزار های تحلیلی موجود، هوش مصنوعی (artificial intelligence: AI) به عنوان قدرتمندترین و امیدوار کننده ترین ابزار برای نوع بشر شناخته شده است (۴). هوش مصنوعی، خروجی حاصل از منابع ورودی است: داده های بزرگی(big data) که باید پالایش، ساختار یافته و یکپارچه شوند. آنچه را که ما به عنوان داده بزرگ می گوییم می توان با حجم، سرعت، تنوع، تغییرپذیری، صحت و پیچیدگی تعریف کرد (۵). این اصطلاحات به ترتیب به میزان داده، سرعت ورود و خروج داده، دامنه انواع داده ها و منابع و دقت و صحت اشاره دارند. با این حال، عموما حجم و سرعت داده ها در مراقبت های بهداشتی امروزی به اندازه کافی بالا نیستند که به داده های بزرگ نیاز داشته باشند. بیشتر مطالعات مرتبط با سلامت نیازی به حضور محققین حیطه 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 می کند، نیاز به توسعه ابزارهای بهتر برای شناسایی موارد خاصی از جهت گیری کلی انبوهی از داده ها وجود دارد (۶).

تشخیص سیگنال های ضعیف، شناسایی زود هنگام روندها را قبل از اینکه قابل توجه و مهم شوند امکان پذیر می کند. این امر در زمینه امنیت سایبری بسیار مورد استفاده قرار می گیرد و در حوزه مراقبت های بهداشتی به معنای شناسایی اثر در تعداد کمی از افراد یا خوشه‌ای از افراد و پیش بینی مسیر بالینی بقیه است. مجموعه‌های مختلفی از اطلاعات برای پیش بینی شیوع بیماری‌های عفونی استفاده شده است. مشکل بیماری‌های عفونی، همانطور که در بالا معرفی شد، غیر قابل پیش بینی بودن آنها و همچنین عوامل متعددی است که بر روند عفونت و انتقال تأثیر می گذارد. هوش مصنوعی نوعی محاسبات است که به ماشین آلات اجازه می دهد با انجام عملکردهای شناختی، مانند انسانها عمل کنند یا واکنش نشان دهند (۷). در مقابل، اگرچه محاسبات سنتی نیز به داده ها واکنش نشان می دهند اما خروجی ها لزوماً با دست کدگذاری می شوند تا از این طریق واکنش نشان دهند. در این حالت هیچ عملکرد شناختی انجام نمی شود، زیرا هوش مستقل وجود ندارد. اگر وضعیت غیر منتظره‌ای پیش بیاید، محاسبات سنتی نمی توانند واکنش نشان دهند. به طور خلاصه، سیستم عامل های هوش مصنوعی دائماً رفتار خود را با تغییرات تطبیق داده و واکنش های خود را متناسب با آن اصلاح می کنند (۵). در رویکرد هوش مصنوعی، ماشین ها برای تجزیه و تحلیل، تفسیر و حل

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

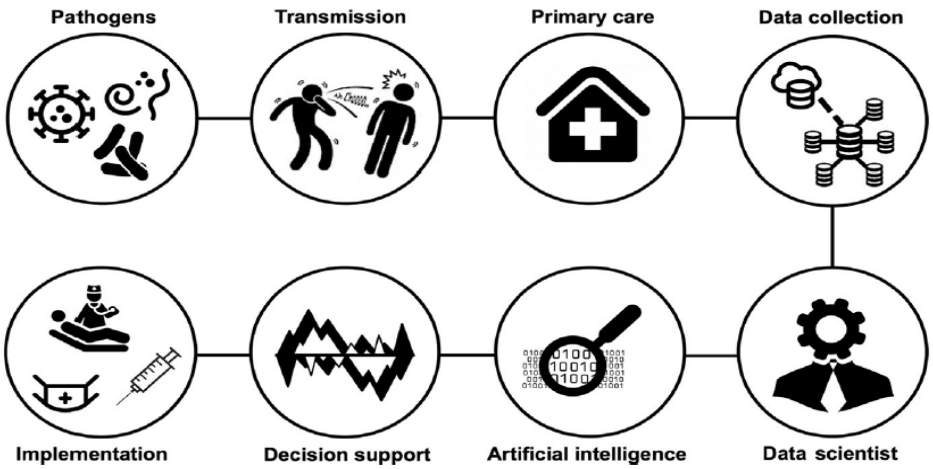
مسئله طراحی شده اند. رایانه در یکی از برنامه‌های اصلی خود، یعنی یادگیری ماشینی، یک بار می آموزد که چگونه به یک نتیجه خاص عمل کند یا واکنش نشان دهد و می‌داند که در آینده هم به همان روش عمل کند.

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

در عصر زیست شناسی سیستم‌ها و پزشکی شخصی، توسعه تحلیلی مناسب در حال رشد است. اینترنت اشیا (IoT) با استفاده از دسته جدیدی از داده‌ها، که اغلب به آنها داده های تفریحی گفته می‌شود، در زمینه مراقبت های بهداشتی بیشتر و بیشتر مورد توجه قرار می گیرند (۱۳). اینترنت اشیا شبکه ای رو به رشد از دستگاه‌ها و اشیا ست که ما در زندگی روزمره خود از آن استفاده می کنیم و می تواند اطلاعات را جمع آوری کند. تلفن‌های هوشمند با برنامه های کاربردی و پوشیدنی متعدد نمونه ای معمولی از دستگاه هایی هستند که جریان مداوم داده ای را تولید می کنند و می توان از آن برای درک بهتر سبک زندگی استفاده کرد. تخمین زده می شود 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 مراقبت های 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).

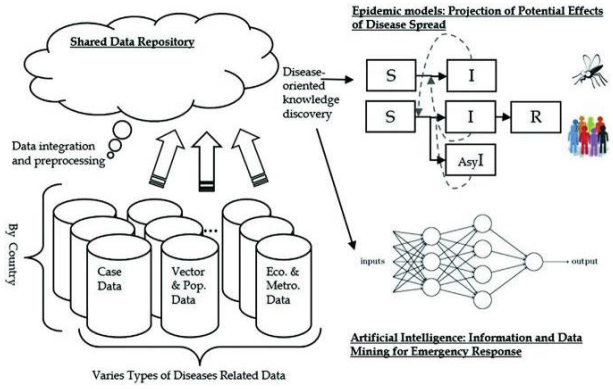
هوش مصنوعی برای مهار پاندمی

بر اساس تجارب بدست آمده از طغیان های اخیر آنفولانزا و کووید ۱۹، افزایش تراکم و تحرک جمعیت



شکل ۱- اصول اساسی در کنترل بیماریهای عفونی. جنبه های 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. طرح های Freepik از سایت www.flaticon.com.

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]



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

نقش مهمی در شیوع بیماری های عفونی در حال ظهور دارد که ممکن ا ست 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، جمعیت شناسی، محیط‌ها و الگوهای رفتاری، تعداد زایشی عامل بیماری زا و میزان انتشار بیماری در جغرافیای مختلف متفاوت خواهد بود.

هوش مصنوعی نه تنها با پردازش حجم وسیعی از داده‌ها می‌تواند به ارائه بینش لحظه ای در مورد گسترش بیماری کمک کند، بلکه می تواند در پیش بینی کانون‌های جدید همه گیری نیز کمک کند (۱۴). رد یابی تماس و تحرکات جمعیت را می توان از طریق مدل های هوش مصنوعی تجز یه و تحل یل کرد تا تشخیص پیشگیرانه، شنا سایی و درک طغیان‌های همه گیری را امکان پذیر کند. در عصر کنونی پیشرفت فناوری، مدل‌های هوش مصنوعی به طور گسترده نقش مهمی در تجزیه و تحلیل داده‌های عظیم از منابع مختلف بیماری های عفونی مانند سیستم‌های نظارت ملی، سیستم های گزارش دهی و پایش، پایگاه‌های داده ژنوم، گزارش های برر سی طغیان، ب سترهای ر سانه‌ای، جستجوهای اینترنتی، گزارش واکسنیا سیون و اطلاعات پویایی انسان دارند. با هجوم حجم عظیمی از داده، ادغام داده ها تحت مدیریت اصلی داده و استخراج دانش، برنامه هوش مصنوعی را قادر می سازد تا روندهای نهفته را نمایان سازد. هوش مصنوعی به مدل سازی پاندمی و شبیه سازی بیماری‌های منتشره در زمینه بیماری‌ها کمک می کند تا سیاست گذاران 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 برنامه ریزی جهت مهار گسترش پاندمی قرار می‌دهد.

هوش مصنوعی نقش مهمی در مهار ویروس جدید کووید -۱۹ دارد و همچنین با پیش بینی طغیان جدید آنفلوانزا در نقاط مختلف به سیستم های رد یابی آنفولانزای جهانی کمک می نماید و با تجزیه و تحلیل ارتباطات رسانه‌های اجتماعی برای ردیابی رویدادهای احتمالی شیوع، بینش بدون درنگی را در مورد شیوع بیماری ارائه می دهد (۱۵). برنامه های کاربردی هوش م صنوعی می توانند در انجام رفتارهای پی شگیرانه برای پیشگیری و مقابله با گسترش بیماری های عفونی به بشر کمک کنند.

اپیدمیولوژی و سرایت بیماری

مطالعات اپیدمیولوژیک را می توان در سطح جمعیت یا در بستر بی مار (اپ یدمیولوژی بالینی) انجام داد. مطالعات اپیدمیولوژیک باید در یک دوره زمانی خاص، با داده های مربوط به عفو نت که به روش طولی (longitudinal) جمع آوری شده اند، انجام شوند. هنگامی که به درستی انجام شوند، مدل‌های ریاضی می توانند بزرگی بیماری‌های عفونی در حال ظهور را پیش بینی کنند (۱۶). مجموعه داده های بزرگ و مدل‌های پیش بینی برای بی ماری های غیرواگیر (NCD) وجود دارد. یک مطالعه اخیر داده‌های ۵۰ ایالت آمریکا برای

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

تعدادی از بیماریهای NCD مانند دیابت، بیماری های قلبی عروقی، فشـار خون بالا و غیره را در طی ۵ سـال جمع آوری کرده اسـت (۱۷). داده های ۳۰ ایالت برای آموزش مورد اسـتفاده قرار گرفت و در ۲۰ ایالت دیگر آزمایش شـد. این مقدار عظیم داده و مدل سـازی، یادگیری ماشـینی را قادر می سـازد تا به یک خروجی نزدیک به واقعیت برسـد. آنچه NCD را تعریف می کند عدم انتقال از بیمار به بیمار به دلیل مجاورت یا قرار گیری در محیط مشترک در مدت زمان کوتاه است. این برعکس همان چیزی اسـت که بیماریهای عفونی را تعریف می کند، زیرا این بیماریها می توانند در مدت زمان بسیار کوتاهی از فردی به فرد دیگر منتقل شوند. شدت علائم و مرگ و میر حاصل ازعفونت، ازعوامل موثر برفور یت پیش بینی بزرگی بیماری در آینده و محل اپیدمی می باشد. بسیاری از روشهای یادگیری ماشینی که در این مقاله ارائه شده اند علاوه بر ارائه نشانه هایی در مورد اندازه و مکان، که غالباً اطلاعات اشتراکی است، بصـورت ابتدایی توسـط ریاضـیدانان برای تخمین متغیر های مربوط به عفونت (به عنوان مثال، زمان انکوباسـیون، حالت سـرایت، علائم، مقاومت در برابر درمانها) استفاده می شود.

داده‌های ورودی برای مطالعات اپیدمیولوژیک بسـیار متنوع است و آنها را قادر می سازد تا از توانمندی های مختلف هوش مصـنوعی اسـتفاده کنند. مطالعات اپیدمیولوژیکی ما را قادر می سـازد که یک اپیدمی در منطقه بسـیار کوچکی را پیش بینی کنیم، همانطور که اخیرا در مطالعه ای در مورد بیماری جنگل(Kyasanur) که یک بیماری عفونی ویروسـی منتقله از طریق کنه است، نشان داده شده است (۱۸). با استفاده از شبکه عصـبی extremal optimization tuned، تیمی از دانشـمندان با قطعیت بالایی پیش بینی کردند و داده‌های محلی را برای کنترل بهتر سـرایت، در پایگاه داده‌های آینده پیشـنهاد کردند. شـیوع عوامل تهدید کننده زندگی، مانند ابولا، جامعه را به سمت نوآوری در زمینه پیش بینی سوق داده است. دانشمندان با استفاده از یادگیری ماشینی، یک شبکه عصبی مصنوعی تک لایه (ANN)، رگرسـیون منطقی (LR)، درخت تصـمیم (DT) و طبقه بندی کننده های SVM مجموعه ای از پیش بینی‌ها را تولید کردند که می تواند در ترکیبات مختلف داده های مربوط به ابولا اعمال شـود (۱۹). یک مسـئله مهم در چنین بحران های بهداشـتی اغلب عدم پاسـخ فوری و کیفیت پایین داده های منطقه اولیه عفونت است. این امر شبیه پروتکل های پزشکی قانونی است که تاریخچه سرایت به طور قابل توجهی به مراحل اولیه متکی اسـت. Colubri و همکاران نشـان دادند که می توان هنگام استفاده از رویکردهای یادگیری ماشینی با ترکیبی از رویکردهای یادگیری ماشـینی 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 پیش بینی بیماری‌های عفونی اسـتفاده کرده اند. مدل ARIMA در اصـل برای کاربردهای اقتصـادی سـاخته شده است اما در حوزه های دیگر مانند عفونت هایی که به صـورت دوره ای یا تکراری ایجاد می شـوند، مورد اسـتفاده قرار گرفته اسـت. مدل‌های سـری مانند ARIMA برای پیش بینی وقوع طغیان در آینده استفاده می شـود زیرا آنها نویز های فرکانس بالا را در داده‌ها فیلتر می‌کنند تا روند محلی را بر اساس وابستگی خطی در مشاهدات سری تشخیص دهند. مدل ARIMA می تواند روابط پویا را ادغام کرده و مدل را براساس آخرین رویدادها به روز کند. از این رو، مدل‌های ARIMA به طور گسترده ای برای پیش بینی سری زمانی اپیدمی از جمله تب خونریزی دهنده، تب دانگ و سـل اسـتفاده شـده اسـت. برای بیماری های عفونی بعدی و سـایر بیماری های عفونی، فصـلی بودن یک جنبه مهم است (۲۳). با اسـتفاده از ARIMA فصـلی (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 مشـکلات عفونت توام، به ویژه با اچ آی وی را نشـان می‌دهد.

روش‌های دیگر به غیر از ARIMA می تواند خطرات

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

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 قوچهای 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 راندوم 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 بیماری‌های عفونی، توقف موفقیت آمیز سرایت معمولاً با توسعه ارتباط دارد (۲۷). در مرحله بعد، استراتژی‌ها باید بهترین روش برقراری ارتباط و دستیابی به دسته بندی‌های مختلف را براساس سن، جنس و سایر متغیرهای اقتصادی - اجتماعی مشخص کنند.

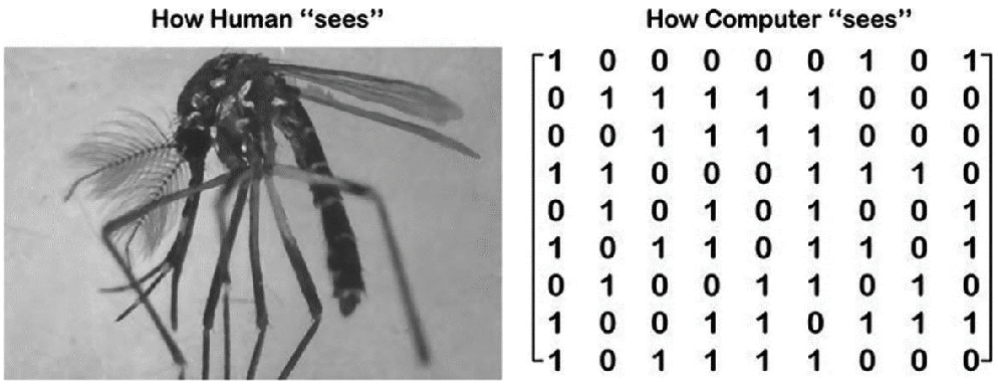
همچنین استفاده از هوش مصنوعی برای پیش بینی موارد جهان گیری بیماری‌های عفونی باید قادر باشد این مسیرهای موازی را برای پیدا کردن راه حل های سازگار ادغام کند. رویکرد تحلیلی سطح بالای هوش مصنوعی که در بالا ارائه شد، هنگامی امکان پذیر است که هر یک از پایگاه های مختلف داده از صحت بالایی برخوردار باشند.

هوش مصنوعی برای تفسیر بیماری های ایجاد کننده پاندمی

مدل‌های هوش مصنوعی برای دستیابی انسان به اعمال پیچیده مراقبت های بهداشتی در تفسیر 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 پاندمی‌های گسترده، حذف ناقل بسیار مهم است. بسیاری از ویروس‌ها 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 ویرویون ها، در چنین شرایطی مهم و مطلوب است و می‌تواند 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.

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]



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

درمان‌ها و مقاومت دارویی ضد میکروبی

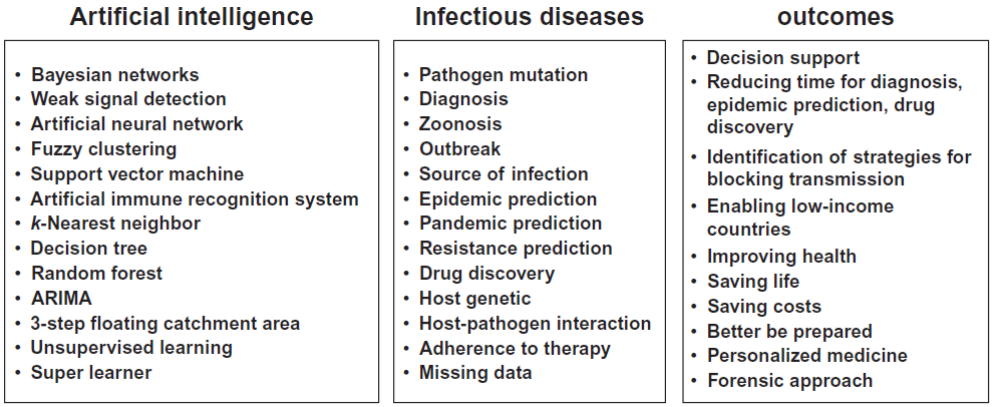
علی رغم توانایی خوب در تشخیص مالاریا و احتمالاً بهبود تشخیص در آینده نزدیک، مشکل جدی مقاومت به داروهای ضد باکتری و ضد انگلی وجود دارد (۲۹). دستورالعمل درمان های ترکیبی مبتنی بر آرتمیسینین که در ۲۰ سال پیش تایید شده بود، اکنون با ظهور انگل های مالاریای پلاسمودیوم فالسیپاروم با کاهش حساسیت به این درمان ها به چالش کشیده شده است. مدل سازی ریاضی با استفاده از روابط فارماکوکینتیک-فارماکودینامیکی مخصوص مرحله داخل میزبانی انگل پیش بینی کرد که مقاومت به آرتمیسینین در نتیجه مقاوم شدن مراحل حلقه ای (Ring stages) در برابر اثر دارو است (۳۰). با وجود پایگاه های داده (۳۱) که منعکس کننده مقاومت های آنتی بیوتیکی است، می‌توان با این پدیده بهتر مقابله کرد. پایگاه داده جامع مقاومت آنتی بیوتیکی (Comprehensive CARD antibiotic resistance database:) حاوی داده‌های مرجع بر اساس مولکولی مقاومت ضد میکروبی است (http://arpcard.mcmaster.ca). پایگاه CARD 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 آنتی بیوتیک هستند نشان داده است (۳۲). در یک مسیر گسترده تر، Ekins و همکاران از یک سری رو شهای یادگیری ماشینی برای پیش بینی پاسخ به عفونت سل در موش‌ها استفاده کرده‌اند (۳۳) که شامل مدل های طبقه بندی لاپلاس- بایس ساده اصلاح شده (Laplacian-corrected naïve Bayesian classifier models) و مدل های SVM با استفاده از مدل‌های محاسباتی Discovery Studio 4.1 است که توسط اعتبار سنجی متقابل leave-oneout تأیید شدند، که در آن هر نمونه یک بار کنار گذاشته می شد، یک مدل با استفاده از نمونه های باقیمانده ساخته می شد و از آن مدل برای پیش بینی نمونه مانده استفاده می شد. داده‌های مدل بایس به وضوح نشان می دهد که این مدل وقتی با داده های تولید شده توسط آزمایشگاه های مختلف در مدل های مختلف موشی ساخته شوند، می توانند ارزش پیش بینی داشته باشند و می توانند در رابطه با سایر مجموعه‌های داده برای انتخاب مناسب ترین ترکیب ضد میکروبی استفاده شوند. همین رویکردهای ریاضی را می توان در یک هدف بسیار خاص برای داروهای بالقوه انجام داد (۳۴) یا برای تجزیه و تحلیل سیستماتیک تر می تواند انجام شود نظیر آنچه که در مورد تجزیه و تحلیل مهارکننده های شناخته شده فروکتوز بیس فسفات آلدولاز ، که آنزیم اصلی در مسیر گلیکولیز مایکوباکتریوم توبرکلوزیس 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 می شد. به طور کلی، مطالعات قبلی (۳۵) نشان می‌دهد که یادگیری ماشینی دقت خوبی برای تایید اعتبارسنجی سایر مطالعات به روش in silico فراهم

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

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 آنتی بیوتیکی متناسب با بیمار را پیشنهاد کند که بر اساس عواملی مانند درجه حرارت بدن، محل عفونت، علائم / نشانه‌ها، عوارض، طیف آنتی باکتریال 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 آنتی بیوتیک، ۱۵۰۴ جفت مدل واکنش (طیف ضد باکتری) بین آنتی بیوتیک‌ها و باکتری‌ها، ۴۳۱ جفت روابط متقابل دارویی و ۸۶ جفت روابط خاص منع مصرف جمعیت خاص آنتی بیوتیک بود. درمطالعه‌ی دیگر، مدل‌هایی به منظور کاهش استفاده از آنتی بیوتیک‌ها 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 پیش‌بینی کننده‌ها را از متغیرهای غیرآزمایشگاهی و زودهنگام را شناسایی کرد (۳۷). در کنار آنتی بیوتیک‌ها، آنتی بادی‌ها در محافظت در برابر عفونت ویروسی بسیار موثر هستند. اساس واکسیناسیون ایجاد یک پاسخ حافظه ایمنی موثر است که بعداً در مواجهه واکسن با ویروس اثر گذاراست. این امر از طریق تولید آنتی بادی‌هایی اتفاق می‌افتد که در جلوگیری از تکثیر ویروس نقش دارند. مطالعات نشان داده است که استفاده از یادگیری ماشینی 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 اچ آی وی بسیار به درمان ضد رتروویروسی بستگی دارد (۳۹)، اطمینان از اینکه درمان به درستی انجام می‌شود و صرفا 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). دریک 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

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]



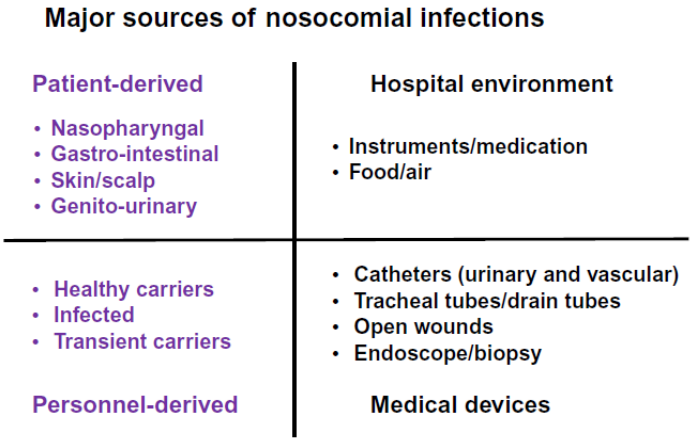
شکل ۴- ابزارهای هوش مصنوعی ، استفاده از آنها و نتایج بالقوه. مجموعه ابزارهای یادگیری ماشینی (بدون خستگی) که در زمینه بیماریهای عفونی و جنبه های هدف آنها استفاده می شود. نتایج پیش بینی شده از سهم هوش مصنوعی ارائه شده است.

داده تجزیه و تحلیل می‌شود. باز هم استفاده از یادگیری ماشینی بسیار کارآمد بود و توانست طبقه بندی تخریب ویروسی را در بیش از ۱۰۰۰ بیمار درکوهورت 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 طبقه بندی (0.8=ROC) را در مقایسه با سیستم نظارت الکترونیکی به تنهایی بهبود می بخشد. سهم یادگیری ماشینی در این زمینه کاهش ضرورت انجام آزمایشات بار ویروسی (بصورت ۱ به۳) با حساسیت برای تشخیص تخریب ویروسی دربیش از ۹۵٪ موارد است که معادل صرفه جویی در وقت، منابع و بهبود زندگی می باشد. 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 ریشه کن کردن عوامل بیماری زای ناخواسته، کاهش بار ویروس های فصلی و درک بهتر فعل و انفعالات بین عوامل بیماری زا 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 های افراطی و رویدادهای نادر از اهمیت بالایی برای ارزیابی خطر شدید برخوردار هستند (۴۳). در زمینه بیماری های عفونی، خطرهای کم تکرار، نظریه ارزش افراطی و مدل تجزیه و تحلیل رویدادهای نادر را برای نمایش عدم قطعیت مرتبط با خطر عفونت به وجود می آورد. 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 داده های بزرگ ساختار یافته و بدون ساختار تشخیص دهیم. باید دانست که وقتی ما از روش های کاهش ابعاد استفاده می کنیم، ممکن است سیگنال ضعیف در نهایت از بین برود. در عصر هوش مصنوعی و محاسبات توزیع شده می توانیم تا حدی بر مشکل بزرگی ابعاد غلبه کنیم. این امر نباید با ابزارهای کلاسیک هوش مصنوعی گیج کننده باشد زیرا تئوری ارزش افراطی شاخه ای از آمار است که می خواهد 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 فوق العاده 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).

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]



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

ا ستراتژی‌های پیاده سازی هوش م صنوعی در موسسات مراقبت‌های بهداشتی

اینترنت اشیا اطلاعات بی شماری در مورد عادات ما جمع آوری می کند. ما می توانیم پیش بینی کنیم که ر شته پز شکی نیز از اینترنت ا شیا ب سیار سود می‌برد. بیشتر آزمایش های آزمایشگاهی بالینی به صورت خودکار انجام می شوند و پیچیدگی داده های تولید شده می تواند بیشتر شود. ا ستراتژی های پیاده سازی هوش مصنوعی در موسسات مراقبت های بهداشتی هنوز باید تدوین شود (۴۴). هدف اول راه اندازی یک سیستم پیشرفته ی مدیریت داده است. در حالی که در اکثر بیمارستان ها و کلینیک ها چنین سیستم هایی وجود دارد، این سیستم ها اغلب منسوخ می شوند زیرا با نوع داده ای که امروزه تولید می کنیم سازگار نیستند. در پیگیری مداوم بیماری‌های عفونی، بیمار ستان‌ها باید رو شی سیستماتیک برای پیش بینی ظهور عفونت‌های بیمار ستانی دا شته با شند (شکل ۵). برای ر سیدن به چنین سطح پیش بینی، موارد مختلفی وجود دارد که با ید در نظر گرفته شود: (۱) ارتقا مهارت در هوش م صنوعی، (۲) ایجاد هم افزایی بین ریا ضیدانان، زیست شناسان و پز شکان و (۳) توسعه فرهنگ پیرامون هوش مصنوعی همانطور که برای پیشرفت های قبلی فن آوری انجام شده است. البته این اجرا با مشکلات فراوانی همراه است. با این حال، در حالی که هوش مصنوعی به طور گسترده ای به عنوان تهدیدی برای م شاغل "م شترک" دیده می شود، باید به عنوان یک فرصت نیز تلقی شود. از این رو، بیمارستان‌ها، کلینیک‌ها و سایر موسسات نظارتی باید آن را به عنوان فر صت ببینند. کارهای اخیر مزیت تلفیق رویکردهای هوش مصنوعی را برای تشخیص بهتر نشان داده است. مثلا، 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 پز شک 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 بیماری های عفونی باید با سوابق پز شکی و تاریخچه بیماران مطابقت دا شته با شد (۴۶). بسیار مهم است که بلافاصله ارتباط بین موقعیت و سایر ویژگی های بیماران مانند فعالیت های حرفه ای، محیط خانواده، نوع م سکن، تماس با حیوانات و غیره م شخص شود آمادگی بیشتر برای اپیدمی ها در بیمارستان با توجه به تعداد تخت ها، و فعال سازی اقدامات خاص برای جلوگیری از سرایت عفونت مورد آزمایش قرار می گیرد.

در حال حاضر چندین سیستم جمع آوری داده در سیستم مراقبت‌های بهدا شتی ا ستفاده می شوند. اما برای بهره مندی قابل توجه از میزان داده های موجود،

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

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 می برند و علاوه بر پیگیری دقیق پیروی از دستورالعمل مصرف دارو، از یک مکالمه قابل فهم برای بیماران در مورد وضعیت کلی سلامتی ایشان پشتیبانی می کند (۴۷). البته، چنین پیگیری منظمی در بخش مراقبت های ویژه در کنار تعامل با پرسنل پزشکی، پزشکان را قادر به پیگیری و کاهش سرایت عفونت می نماید. بیمارستان ها و کلینیک های دانشگاه آیووا طی ۵ سال گذشته از یادگیری ماشینی برای کاهش عفونت های محل جراحی تا ۷۴٪ استفاده کرده اند. با استفاده از سیستم‌های تجزیه و تحلیل DASH ، بیمارستان‌ها از پلتفرم مراقبت کیفیت بالا (HDCP) استفاده می کنند و با تمرکز بر عفونت های ناشی از جراحی، این سیستم از چک لیست ایمنی جراحی WHO استفاده می کند (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 جمع آوری می شود، سیستم DASH همه را به یک مدل پیش بینی وارد می‌کند و خطرات احتمالی را شناسایی می‌کند. این امر ما را قادر می سازد 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 پیش بینی کند. هر ساله در ایالات متحده بیش از ۴۰۰،۰۰۰ نفر پس از بستری شدن در بیمارستان به این باکتری مبتلا می شوند و حدود ۳۰،۰۰۰ نفر از آنها به دلیل عفونت می میرند (۴۹). در یک مطالعه تعدادی از پزشکان و متخصصین کامپیوتر در بیمارستان عمومی ماساچوست با هم همکاری کردند تا از AI برای پیش بینی استفاده کنند. با استفاده از یک مجموعه داده حاصل از بیش از ۳۰۰،۰۰۰ بیمار پذیرفته شده و دانستن این که کلستریدیوم دیفیسیل از طریق تماسهای فیزیکی منتشر می شود، 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 بیمارستان ها فراهم می کند، 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 سیاست ها نماند. 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 مدل های سرایت مختلف هستند و بسته به میزبان به علائم مختلف منجر می‌شوند.

References

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

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

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, Wickramarathne 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. Thiébaut 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, Chompoosri 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, Shamshirband 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

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]

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. Intrahost 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).
. Rudd EM, Jain LP, Scheirer WJ, Boult 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.

[Downloaded from rjms.iums.ac.ir on 2026-11-19]