

Application of artificial intelligence and machine learning in medicine, drug discovery, genomics and biosensors

Seyedeh Neda Jalali ¹, **Sohameh Mohebbi**¹, Maryam Ghanbari ²

¹Department of Biology, Faculty of Basic Science, Ale Taha Institute of Higher Education, Tehran, Iran

² Department of Microbial Biotechnology, Faculty of Biological Science, Tehran North Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

Abstract

Background: In the modern era, the complexity and increase in healthcare data will drive us towards the growing use of artificial intelligence. For optimal progress in precision medicine, a thorough examination of comprehensive patient data alongside various and extensive factors is essential to differentiate between sick and relatively healthy individuals. Artificial intelligence has the potential to enhance patient care and facilitate easier decision-making for healthcare professionals through advanced computations and inferences, enabling the system to reason, learn, and ultimately streamline medical decision-making. Artificial intelligence is currently being employed by healthcare providers and life sciences companies in various domains. In this article, we will review recent advancements in the application of artificial intelligence in the fields of medicine, pharmaceuticals, and genomics. Additionally, we will discuss the role of machine learning in medical imaging, precision medicine, and biosensors. The article will also explore some advances in biosensor technologies that utilize artificial intelligence to assist in monitoring electro-physiological and electrochemical signals of the body and diagnosing diseases. These advancements indicate a trend towards personalized medicine, which is both highly effective, cost-effective, and precise in the point of care. Researchers, with access to a wide range of datasets and modern computational techniques such as machine learning (ML) and deep learning (DL), can usher in a new era of genomics and effective drug discovery. Deep learning, using algorithms to create an artificial neural network (ANN), can autonomously learn and make decisions, mimicking the human brain.

Keywords: *Artificial intelligence, Precision medicine, Biosensor, Drug discovery, Genomics*

Cited as: Jalali N, Mohebbi S, Ghanbari M. Application of artificial intelligence and machine learning in medicine, drug discovery, genomics and biosensors. Medical Science Journal of Islamic Azad University, Tehran Medical Branch 2024; 34(3): 207-226.

Correspondence to: Sohameh Mohebbi

Tel: +98 2144358201

E-mail: s.mohebbi@aletaha.ac.ir

ORCID ID: 0000-0002-4512-175X

Received: 11 Nov 2023; **Accepted:** 19 Dec 2023

کاربرد هوش مصنوعی و یادگیری ماشین در گرایش‌های پزشکی، کشف دارو، ژنومیک و زیست‌حسگرها

سیده ندا جلالی^۱، سهامه محبی^۱، مریم قنبری^۲

^۱ گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، موسسه آموزش عالی آل طه، تهران، ایران

^۲ گروه بیوتکنولوژی میکروبی، دانشکده علوم زیستی، واحد تهران شمال، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

چکیده

سابقه و هدف: در عصر جدید، پیچیدگی و افزایش داده‌ها در مراقبت‌های بهداشتی، ما را به سمت و سوی استفاده فزاینده از هوش مصنوعی سوق خواهد داد. برای انتخاب بهترین مسیر به سمت پزشکی دقیق، بررسی داده‌های کلی بیماران در کنار عوامل متعدد و گسترده، برای تمایز بین افراد بیمار و نسبتاً سالم ضروری است. هوش مصنوعی می‌تواند پتانسیل مراقبت‌های بهداشتی از بیماران را بهبود بخشد و از طریق محاسبات و استنتاج پیشرفته، سیستم را قادر می‌سازد تا استدلال کند و یاد بگیرد و در عین حال منجر به تصمیم‌گیری آسان‌تر پزشک خواهد شد. هوش مصنوعی در حال حاضر در حوزه‌های مختلفی توسط ارائه دهندگان مراقبت‌های بهداشتی و شرکت‌های علوم زیستی به کار گرفته شده است. در این مقاله، مروری بر پیشرفت‌های اخیر در حوزه کاربرد هوش مصنوعی در علوم پزشکی، داروسازی و ژنومیک انجام خواهیم داشت. همچنین در مورد نقش یادگیری ماشین در تصویربرداری پزشکی، پزشکی دقیق و حسگرهای زیستی بحث می‌شود و برخی از پیشرفت‌ها در فناوری‌های حسگرهای زیستی را که از هوش مصنوعی برای کمک به نظارت بر سیگنال‌های الکتروفیزیولوژیکی و الکتروشیمیایی بدن و تشخیص بیماری استفاده می‌کنند، بررسی خواهیم کرد که این پیشرفت‌ها، گرایش به سمت پزشکی شخصی‌سازی شده را، با درمان بسیار مؤثر، ارزان و دقیق در نقطه مراقبت نشان می‌دهد. محققان می‌توانند با در دسترس بودن طیف وسیعی از مجموعه داده‌ها و تکنیک‌های رایانه‌ای مدرن مانند یادگیری ماشین (ML: machine learning) و یادگیری عمیق (DL: deep learning) عصر جدیدی از پزشکی ژنومیک و کشف و طراحی داروهای مؤثر را ایجاد کنند.

واژگان کلیدی: هوش مصنوعی، پزشکی دقیق، حسگر زیستی، کشف دارو، ژنومیک.

مقدمه

از مهیج‌ترین و امیدوارکننده‌ترین پیشرفت‌ها در پزشکی مدرن، شاخه پزشکی دقیق است. این شاخه از درمان که به سرعت در حال پیشرفت است، متکی بر آرایش ژنتیکی افراد، سبک زندگی آنها، بیان ژن‌های آنها و در نهایت تاثیرات محیط زندگی آنهاست. در واقع، در این شاخه از پزشکی، همه فعالیت‌ها و اقدامات پیشگیرانه و درمانی، به صورت فرد محور و مبتنی بر داده‌ها انجام می‌شود که می‌تواند هزینه‌های کارآمدتر و نتایج موثرتری را برای بیمار فراهم کند (۲). در مقابل، در پزشکی ژنومیک که یک تخصص پزشکی نسبتاً جدید است، اطلاعات ژنتیکی هر فرد برای اهداف تشخیصی یا

مفهوم استفاده از رایانه برای شبیه‌سازی رفتار هوشمند و تفکر انتقادی اولین بار توسط آلن تورینگ در سال ۱۹۵۰ توضیح داده شد. شش سال بعد، جان مک کارتی اصطلاح هوش مصنوعی (AI: Artificial intelligence) را به عنوان «علم و مهندسی ساخت ماشین‌های هوشمند» توصیف کرد (۱). یکی

آدرس نویسنده مسئول: گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، موسسه آموزش عالی آل طه، تهران،

ایران. سهامه محبی (email: s.mohebbi@aletha.ac.ir)

ORCID ID: 0000-0002-4512-175X

تاریخ دریافت مقاله: ۱۴۰۲/۸/۲۰

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۴۰۲/۹/۲۸

درمانی و پیامدهای سلامت و سیاست مرتبط مورد توجه قرار می‌گیرد.

امروزه سومین عامل مهم مرگ‌ومیر بعد از نارسایی قلبی و سرطان به خطاهای پزشکی مربوط است (۳). در سال‌های اخیر، پزشکی شخصی‌شده توانسته با نوآوری بزرگی برای تحقیقات مرتبط با سلامت، نوید زیادی برای مراقبت از بیماران داشته باشد (۴). پزشکی دقیق می‌تواند با استفاده ماهرانه از پروفایل‌های چند اومیک (Omics) و ترکیب داده‌های بالینی، تصویربرداری، اپیدمیولوژیک و جمعیت‌شناختی به طور قابل توجهی کارآمدتر از پزشکی مرسوم مبتنی بر علائم باشد تا مسیر را برای تشخیص توسعه یافته و درمان شخصی مؤثرتر و مقرون به صرفه‌تر هموار کند. این امر به پزشکان و محققان اجازه می‌دهد بر چهار روش که با حرف P (در زبان انگلیسی) شروع می‌شوند با عناوین پیش‌بینی‌کننده (Predictive)، پیشگیرانه (Preventive)، شخصی‌سازی شده (personalized) و مشارکتی (participatory) متمرکز شوند.

با استفاده بهینه از پرونده الکترونیک سلامت (EHR: electronic health record) که حاوی سوابق بی‌درنگ و بیمار محور و تاریخچه پزشکی و درمانی بیماران است و ترکیب آن با انواع داده‌ها و شناسایی الگوهای خاص پیشرفت بیماری، می‌توان به تصمیم‌گیری کم‌خطا تر و توسعه نتایج بالینی موثرتر کمک شایانی کرد.

در این میان، هوش مصنوعی که یکی از حوزه‌های فن‌آوری علوم رایانه است، رایانه‌ها را قادر می‌سازد تا وظایف متعددی را، که تنها مغز انسان قادر به انجام آن‌هاست، انجام دهند. هوش مصنوعی قادر است مشکلات بسیاری، از جمله پیش‌بینی، یکپارچه‌سازی داده‌ها، استدلال در مورد پدیده‌های زیربنایی و تبدیل داده‌ها به دانش عملی را با مهارت‌های تحلیلی گسترده‌ای حل کند. در حال حاضر روش‌های مبتنی بر یادگیری ماشین و یادگیری عمیق به دلیل فراوانی داده‌های پزشکی و پیشرفت سریع ابزارهای تجزیه و تحلیل، بسیار مورد توجه قرار گرفته و توسعه یافته‌اند. از آنجایی که از طریق هوش مصنوعی امکان انجام محاسبات با کارایی بالا وجود دارد، می‌توان میزان خطر بیماری را بر اساس اطلاعات به دست آمده از بیماران تعیین و پیش‌بینی کرد (۵). پلتفرم‌های یادگیری ماشین/هوش مصنوعی، تبدیل این اطلاعات عظیم به داده‌های بالینی را انجام می‌دهند که تاکنون نتایج امیدوارکننده‌ای در پیش‌بینی خطر بیماری با افزایش دقت از طریق این سیستم‌ها به دست آمده است (۶، ۷). هوش

مصنوعی با ورود به حوزه پزشکی دقیق و ژنومیک می‌تواند به درک پیدایش و روند پیشرفت بیماری‌های مزمن کمک کند.

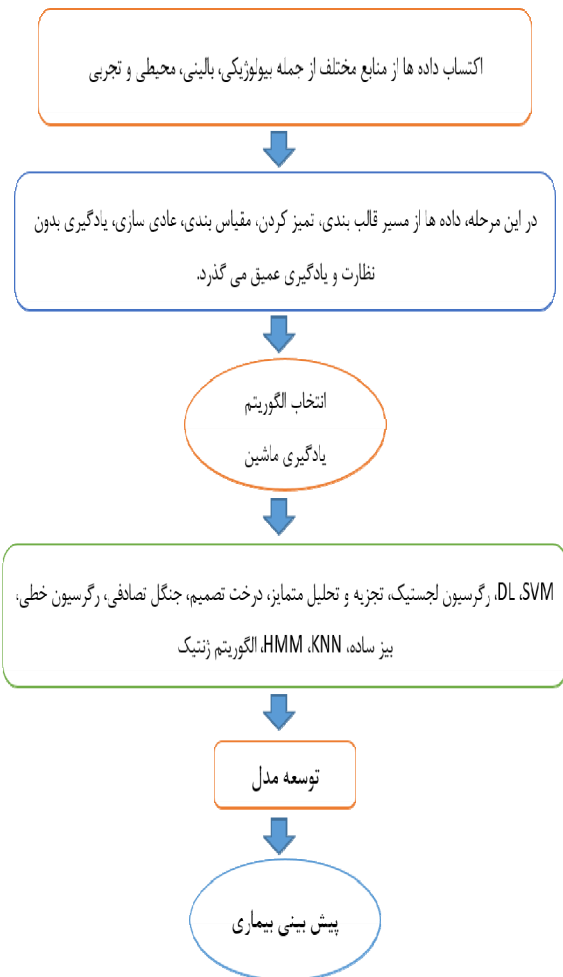
از طرف دیگر، کاربرد هوش مصنوعی در حسگرهای زیستی پزشکی، یک زمینه به سرعت در حال تحول با پتانسیل قابل توجه است. نقش هوش مصنوعی در پیش‌بینی و تشخیص مشکلات سلامتی، به ویژه در نظارت بر قلب برجسته است (۸، ۹). استفاده از هوش مصنوعی در حسگرهای زیستی نیز به عنوان وسیله‌ای مقرون به صرفه و کارآمد برای تشخیص بیماری و مدیریت سلامت دیده می‌شود (۱۰). با این حال، ادغام هوش مصنوعی و حسگرهای زیستی نیز چالش‌هایی را به ویژه در نوآوری مواد، شناسایی زیستی و پردازش داده‌ها ایجاد می‌کند (۱۱). علی‌رغم این چالش‌ها، پتانسیل هوش مصنوعی با برنامه‌های کاربردی از پزشکی شخصی تا نظارت بر سلامت در زمان واقعی در حسگرهای زیستی پزشکی بسیار گسترده است.

همچنین، کاربرد هوش مصنوعی در کشف دارو انقلابی در این زمینه ایجاد کرده است و دقت بالاتر، سمیت کمتر و فرمولاسیون دوز بهتر را ممکن می‌سازد (۱۲). هوش مصنوعی همچنین در پیش‌بینی ساختارهای مولکولی و ویژگی‌های درون‌تنی در مقابل برون‌تنی مؤثر بوده است؛ بنابراین در زمان و ضرر اقتصادی صرفه‌جویی می‌کند. تجزیه و تحلیل داده‌های غربالگری محتوای بالا، طراحی و سنتز مولکول‌های جدید و پیش‌بینی فعالیت بیولوژیکی و خواص ADME را تسهیل کرده است (۱۳). علاوه بر این، هوش مصنوعی در غلبه بر محدودیت‌های کشف داروی هدف محور با شناسایی ارتباطات جدید و استنتاج اهمیت عملکردی مسیرهای سلولی بسیار مهم بوده است (۱۴، ۱۵). یکی از رایج‌ترین روندها استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین در پزشکی دقیق برای ارزیابی داده‌های بالینی و تجربی، تغذیه و سبک زندگی، متابولومیک، ژنومیک، تصویربرداری است (۱۶). در این مقاله مروری سعی داریم نقش هوش مصنوعی را در شاخه‌های مختلف پزشکی، ژنومیک، طراحی و کشف داروها و زیست حسگرها با استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین بررسی کنیم.

یادگیری ماشینی و هوش مصنوعی در پزشکی

برای اولین بار در دهه ۱۹۵۰ کلمه "یادگیری ماشینی" توسط آرتور ساموئل، یکی از کارمندان IBM ایجاد شد. از آن زمان تاکنون یادگیری ماشین پیشرفت چشمگیری داشته است. هوش مصنوعی در پزشکی یا (AI in medicine: AIM) در طول پنج دهه گذشته به طور چشمگیری تکامل یافته است. از

یادگیری ماشین با هدایت سلامت افراد و جمعیت از طریق انواع مزایای محاسباتی، می‌تواند مراقبت‌های بهداشتی را متحول کند. همچنین با مشاهده بیمار، تجزیه و تحلیل الگوی بیماری، تشخیص و تجویز یک دارو، ارائه مراقبت بیمارمحور، کاهش خطاهای بالینی، امتیازدهی پیش‌بینی، تصمیم‌گیری درمانی، تشخیص عفونت و موارد اورژانسی پرخطر در بیماران کمک می‌کند. نمودار جریان ژنتیکی یادگیری ماشینی در شکل ۱ نشان داده شده است.



شکل ۱. فلوچارت عمومی گردش کار یادگیری ماشینی

یادگیری ماشین همچنین فنوتیپ‌ها را شناسایی می‌کند، بیماری‌های قلبی عروقی، سرطان و علائم مربوط به بیماری‌های مختلف را شناسایی می‌کند، خطر را پیش‌بینی می‌کند و مداخله می‌کند و پانل‌سازی و منابع را تامین می‌کند (۲۰، ۲۱). در پزشکی دقیق، ده الگوریتم وجود دارد که شامل ماشین بردار پشتیبانی یا (Support Vector) SVM (Machine)، الگوریتم ژنتیک یا (Genetic Algorithm) GA،

زمان ظهور یادگیری ماشین و یادگیری عمیق، کاربردهای AIM گسترش یافته است و فرصت‌هایی را برای پزشکی شخصی به جای پزشکی مبتنی بر الگوریتم ایجاد کرده است. مدل‌های پیش‌بینی‌کننده را می‌توان برای تشخیص بیماری‌ها، پیش‌بینی پاسخ درمانی و طب بالقوه پیشگیرانه در آینده استفاده کرد (۱۷). هوش مصنوعی ممکن است دقت تشخیصی را بهبود بخشد، کارایی را در گردش کار ارائه دهنده و عملیات بالینی بهبود بخشد، نظارت بهتر بر بیماری و درمانی را تسهیل کند و دقت روش و نتایج کلی بیمار را بهبود بخشد. در هوش مصنوعی، یادگیری ماشین یک مدل مبتنی بر رایانه است که در حجم کلی اطلاعات برای ساخت مدل‌های طبقه‌بندی و پیش‌بینی بر اساس داده‌های آموزشی برای تأیید و درک الگوها استفاده می‌شود. یادگیری ماشین به چیزی که امروزه معمولاً به عنوان یادگیری عمیق شناخته می‌شود، پیشرفت کرده است که از الگوریتم‌هایی برای ایجاد یک شبکه عصبی مصنوعی (artificial neural network: ANN) تشکیل شده است و می‌تواند مانند مغز انسان به تنهایی یاد بگیرد و تصمیم بگیرد (۱۸). یادگیری ماشین، به یادگیری تحت نظارت و بدون نظارت و همچنین یادگیری تقویتی تقسیم می‌شود (۱۹). برای آموزش مدل‌های یادگیری تقویتی، پاداش برای عملکرد خوب و تنبیه برای عملکرد بد استفاده می‌شود. بازخورد مثبت به طور موثر مدل یادگیری ماشین را هدایت می‌کند تا در آینده دوباره همان انتخاب را انجام دهد.

در مقابل، بازخورد منفی اساساً مدل یادگیری ماشین را هدایت می‌کند تا از تصمیم‌گیری مجدد در آینده اجتناب کند. برخلاف تکنیک‌های یادگیری ماشین تحت نظارت یا بدون نظارت، یادگیری تقویتی به دلیل پاسخ مستقیم، نقش کوچکی در رویکردهای پزشکی دقیق بازی می‌کند. یادگیری ماشین به سه نوع طبقه‌بندی می‌شود: طبقه‌بندی، خوشه‌بندی و رگرسیون. تکنیک‌های یادگیری تحت نظارت شامل طبقه‌بندی و رگرسیون است، در حالی که خوشه‌بندی یک تکنیک یادگیری بدون نظارت است. طبقه‌بندی از برچسب‌ها و پارامترها برای پیش‌بینی مقادیر پاسخ گسسته و طبقه‌بندی شده، مانند تشخیص بدخیمی از طریق نمونه‌های بیوپسی استفاده می‌کند. خوشه‌بندی برای تقسیم‌بندی داده‌ها استفاده می‌شود، به‌عنوان مثال، برای تعیین درصد بروز یک بیماری در یک جامعه خاص در نتیجه آلودگی یا نشت مواد شیمیایی. رگرسیون داده‌های عددی با پاسخ مداوم را برای کشف روندهای تجویز، مانند فاصله زمانی بین ترخیص بیمار و بستری مجدد در بیمارستان (مثبت/منفی) پیش‌بینی می‌کند.

می‌دهد. هاتون و همکاران از طبقه بندی خودکار برای طبقه بندی تصاویر میکروسکوپی بافت تخمدان با فلورسانس چند فوتونی استفاده کرد (۳۷). آن‌ها همچنین گزارش دادند که پیش بینی آن‌ها با آسیب شناسان قابل مقایسه است. برینگر و همکارانش از CNN برای خودکارسازی طبقه بندی تصاویر ملانوم درموسکوپی استفاده کردند و دریافتند که عملکرد بهتری از متخصصان پوست و متخصصان جوان دارد (۳۸). روش دیگر برای تقسیم بندی بیماران از نظر متغیرهای خطر، استفاده از DNA در گردش برای پروفایل مولکولی سرطان است (۳۹).

دانشمندان بیومارکرهای پروتئینی را در اندازه نمونه محدود کشف کردند. آنها دریافتند که این اطلاعات مستعد تعبیر نادرست داده‌های پروتئومی است. ترکیبی از مجموعه داده‌های پروتئومیک و ژنومیک منجر به اختراع یک داروی هدفمند جدید در سرطان پستان (گیرنده هورمونی مثبت)، مانند مسیر تغییر یافته PI3K شد (۴۸).

به طور مشابه، ترکیب تعداد کمی تغییرات DNA با بیان ژن بیماران سرطان پستان به محققانی که مکانیسم بیماری را یاد گرفتند و استراتژی‌های درمانی جدیدی را توسعه دادند، کمک کرد. تجزیه و تحلیل داده‌های یکپارچه قابل اعتماد از ترنسکریپتومیک و متابولومیک چهار بیومارکر ادرار مجزا پیدا کرده است (۴۹). تغییر در پروتئوم و متابولیسم کبد با ادغام تجزیه و تحلیل داده‌های پروتئومیک تومورهای همسان و نمونه‌های کبد اطراف کشف شد. محققان نشانگرهای زیستی و گروه‌های کوچک‌تری از بیماران را با اختلال در تنظیم ریزمحیط خاص، تکثیر سلولی، برنامه‌ریزی مجدد متابولیک و درمان‌های احتمالی کشف کردند (۵۰) (جدول ۲).

کاربرد یادگیری ماشین در مشکلات قلبی-عروقی از طریق تصویربرداری، پیش‌بینی خطر، الکتروکاردیوگرام (ECG) و ژنومیک

هوش مصنوعی می‌تواند بیماری‌های قلبی عروقی را در بیماران تشخیص دهد. با استفاده از یک طبقه بندی شبکه عصبی، نارسایی احتقانی قلب را می‌توان در رادیوگرافی قفسه سینه تشخیص داد.

مدل مارکوف پنهان یا (Hidden Markov Model) HMM، رگرسیون خطی یا (Linear Regression) LR، تجزیه و تحلیل تمایز یا (Discriminant Analysis) DA، درخت تصمیم یا (Decision Tree) DT، رگرسیون لجستیک یا (Logistic) LR، بیز ساده یا (Naïve Bayes) NB، یادگیری عمیق یا (Deep Learning) DL، جنگل تصادفی یا (Random Forest) RF، و نزدیکترین همسایه K-NN: Next-Generation Sequencing) هستند (شکل ۲) (جدول ۲) (۲۲).



شکل ۲. مروری بر برترین الگوریتم‌های یادگیری ماشینی

یادگیری ماشینی در سرطان

توسعه فناوری اومیک (omics) چند بعدی، از توالی‌یابی نسل بعدی یا (Next-Generation Sequencing) NGS تا طیف سنجی جرمی یا (Mass Spectrometry) MS، اطلاعات زیادی را ارائه کرده است. هوش مصنوعی می‌تواند داده‌های حاصل از اومیک‌های متمایز، از جمله ژنومیک، پروتئومیک و متابولومیک را ادغام کند. شناسایی نشانگرهای زیستی بیماری با استفاده از داده‌های اومیک، دسته‌بندی گروه‌های بیمار را ساده می‌کند و داده‌های تشخیصی اولیه را برای بهینه‌سازی مدیریت بیماران و اجتناب از عواقب منفی ارائه

جدول ۱. کاربرد انواع الگوریتم‌های یادگیری ماشین

الگوریتم های یادگیری ماشین	توضیحات
SVM یا ماشین بردار پشتیبانی	SVM برای ایجاد دقت تشخیصی بهتر علائم را طبقه بندی و تجزیه و تحلیل می کند. سایر کمک‌های SVM در پزشکی دقیق شامل شناسایی نشانگرهای زیستی بیماری‌های عصبی و روان‌شناختی و تجزیه و تحلیل SNPها برای اعتبارسنجی مولتیپل میلوما و سرطان پستان است. داده های بالینی، پاتولوژیک و اپیدمیولوژیک توسط SVM برای مقاومت در برابر سرطان سینه و دهانه رحم تجزیه و تحلیل می شوند. این داده‌های بالینی، مولکولی و ژنومی را برای تأیید سرطان دهان و تشخیص بیماری‌های روانی تجزیه و تحلیل می‌کند (۲۳)
یادگیری عمیق یا DL	این یک الگوریتم رایج در پزشکی است. به طور کلی، یادگیری عمیق برای تجزیه و تحلیل تصاویر از بخش‌های مختلف مراقبت‌های بهداشتی استفاده می شود، اما در سرطان‌شناسی بسیار مورد استفاده قرار گرفت. این الگوریتم برای آنالیز سرطان ریه، سی تی اسکن و ام آر آی ناحیه شکم و لگن، کولونوسکوپی، ماموگرافی، اسکن مغز برای تومورهای مغزی، سرطان شناسی پرتویی، سرطان پوست، تصویربرداری نمونه بیوپسی، سونوگرافی نمونه بیوپسی تومور پروستات، رادیوگرافی از ندول های بدخیم ریه، گلیوما از طریق اسکن هیستوپاتولوژیک، و داده های نشانگرهای زیستی و تعیین توالی (DNA و RNA) مورد استفاده قرار گرفت. علاوه بر این، در فرآیند تشخیصی بسیاری از بیماری‌ها، به‌عنوان مثال، رتینوپاتی دیابتی، BCC ندولر، پیش‌بینی هیستوپاتولوژیک در زنان مبتلا به تغییر شکل‌های سیتولوژیک، خال‌های پوستی و کراتوز سبورئیک، ناهنجاری‌های قلبی و نارسایی عضلانی قلب با آنالیز MRI بطن‌ها نیز استفاده شد. (۲۴، ۲۵)
رگرسیون لجستیک یا LR	این الگوریتم می تواند خطر بالقوه چندین بیماری پیچیده مانند سرطان سینه و سل را ارزیابی کند. همچنین به ارزیابی میزان بقای بیمار و شناسایی بیماری‌های قلبی عروقی کمک می کند. با تجزیه و تحلیل عوامل پیش آگهی، می توان ترومبومبولی روی (PTE) و تشخیص هوجکین غیر لنفوم را شناسایی کرد (۲۶)
تجزیه و تحلیل تمایز یا DA	کاربرد الگوریتم تجزیه و تحلیل متمایز در پزشکی شامل طبقه‌بندی بیماران برای فرآیند عمل، داده‌های رضایت از علائم بیماران، تشخیص نقص ایمنی اولیه، طبقه‌بندی پاسخ MRI BOLD به محرک‌های فیلم طبیعی، عناصر افسردگی در بیماران سرطانی و شناسایی مناطق کدکننده پروتئین بیماران سرطانی (۲۷)
درخت تصمیم یا DT	این الگوریتم یادگیری ماشینی برای نظارت بر مراقبت های بهداشتی در زمان واقعی، تشخیص و داده های نایجای حسگر، مدل استخراج داده برای پیش بینی آلودگی و سیستم پشتیبانی تصمیم درمانی به خوبی اعمال می شود. برخی از کاربردهای بلادرنگ الگوریتم درخت تصمیم شامل چالش‌هایی در سفارش درمان‌های جایگزین در بیماران سرطان‌شناسی، شناسایی پیش‌بینی‌کننده‌های پیامدهای سلامتی، حمایت از تصمیم‌های بالینی، تشخیص فشار خون بالا از طریق یافتن فاکتورها، مکان‌یابی ژن‌های مرتبط با زخم‌های فشاری (PUs) در میان بیماران مسن، تصمیم‌گیری در بیماران روان‌شناختی، طبقه‌بندی داده‌های بیمار به منظور تفسیر تصمیم‌گیری برای پزشکی دقیق، یافتن بیماران بالقوه خدمات بهداشتی از راه دور، خطر قطع پای دیابتی، و در نهایت تجزیه و تحلیل محتوا برای کمک به بیماران در تصمیم‌گیری پزشکی می‌باشد (۲۸، ۲۹)
جنگل تصادفی یا RF	این الگوریتم به طور گسترده در چندین بخش از سیستم مراقبت های بهداشتی به کار گرفته شده است. مشارکت های گزارش شده از این الگوریتم شامل پیش بینی مسیرهای متابولیک افراد، پیش بینی نتایج مواجهه بیمار با روانپزشک، پیش بینی مرگ و میر بیماران ICU، طبقه بندی و تشخیص بیماری آلزایمر، نظارت بر حسگرهای بی‌سیم پزشکی، تشخیص آرتروز زانو، پیش بینی هزینه مراقبت های بهداشتی، تشخیص بیماری، شناسایی عوامل غیرپزشکی مرتبط با سلامت، پیش‌بینی خطر بستری اورژانسی، پیش‌بینی خطر بیماری از روی داده‌های خطای بالینی، یافتن عامل همراه با تشخیص نوروپاتی محیطی دیابتی، شناسایی بیماران آماده ترخیص از ICU، تشخیص افسردگی آلزایمر بیماران، و تشخیص اختلالات خواب و اثرات درمانی متنوع غیر فرضی می‌باشد (۳۰، ۳۱)
رگرسیون خطی یا LR	مشارکت های گزارش شده از این الگوریتم در مراقبت های بهداشتی برای چندین تحلیل و پیش بینی محاسباتی، از نظارت بر الگوهای تجویز درمان، پیش بینی جراحی دست، کاهش هزینه های اضافی سیستم مراقبت های بهداشتی، تجزیه و تحلیل داده های هزینه های بالینی نامتعادل، تشخیص عوامل خطر مرتبط با پیش آگهی، میانگین گیری، پیاده سازی شده است. تصمیم گیری در مراقبت های بهداشتی، درک الگوی شیوع HIV، و اطمینان از مناسب بودن آن پیاده سازی شده است (۳۲).
Naïve Bayes	این الگوریتم در حوزه های مختلف پزشکی مانند پیش بینی خطرات با شناسایی موکوپلی ساکاریدوز نوع II، استفاده از داده های سانسور شده و زمان تا رویداد، طبقه بندی EHR، شکل دادن به تشخیص بالینی برای حمایت از تصمیم گیری، استخراج داده های ژنومی برای شناسایی بیماری آلزایمر، استفاده می شود. مدل سازی تصمیم مربوط به بیماری های قلبی عروقی، اندازه گیری کیفیت خدمات مراقبت های بهداشتی، ساخت یک مدل پیش بینی کننده برای سرطان در مغز، آسم، پروستات و پستان (۳۳، ۳۴).
KNN	در حوزه های علمی مختلف به کار گرفته شده است، اگرچه فقط چند کاربرد در سیستم مراقبت های بهداشتی دارد. در حفظ اطلاعات محرمانه پیش‌بینی بالینی در ابر سلامت الکترونیک، طبقه‌بندی الگوی تشخیص سرطان سینه، پیش‌بینی سرطان پانکراس با استفاده از ادبیات منتشر شده، مدل‌سازی عملکرد تشخیصی، تشخیص سرطان معده، طبقه‌بندی الگو برای برنامه‌های نظارت بر سلامت، مجموعه داده‌های پزشکی اجرا شد. طبقه بندی و داده های EHR نمونه‌هایی از نمونه های بلادرنگ هستند (۳۵)
HMM	الگوریتم HMM در حوزه‌های مختلف دارویی پیاده‌سازی شد و سهم بلادرنگ آن شامل استخراج عوارض جانبی دارو از انجمن‌های مراقبت‌های بهداشتی آنلاین است. کاهش هزینه های بهداشتی و درمان؛ بررسی داده های مربوط به بررسی سلامت شخصی؛ مشاهده شبانه روزی در داده های فعالیت تله متری. خوشه بندی و مدل سازی سفر بیمار در پزشکی. بررسی دقیق استفاده از خدمات مراقبت‌های بهداشتی پس از صدمات از طریق سیستم حمل‌ونقل، تجزیه و تحلیل سیگنال‌های گریه نوزاد و پیش‌بینی افرادی که وارد کشورهایی با تعداد زیادی ناهمزمانی می‌شوند (۳۶)
الگوریتم ژنتیکی	به شدت به حوزه پزشکی کمک کرده است. مشارکت های گزارش شده در آنکولوژی، رادیولوژی، غدد درون ریز، اطفال، قلب و عروق، ریه، جراحی، بیماری های عفونی، نورولوژی، ارتوپدی، زنان و بسیاری موارد دیگر مشاهده شد.

نیستند، اما کاربردهای هیجان‌انگیزی را ارائه می‌دهند که در صورت در دسترس بودن مجموعه داده‌های چند نهادی و بزرگ‌تر ممکن است بیشتر بهبود یابد.

یادگیری عمیق همچنین در ارزیابی عملکرد بطن چپ به طور خودکار نویدبخش است. بر روی مجموعه داده‌ای از ۵۹۶ آزمایش MRI که در دانشگاه‌های مختلف و از اسکنرهای مختلف به دست آمده است، تائو و همکاران. یک شبکه عصبی کانولوشن را برای تولید ابزاری آموزش داد که از تقسیم بندی دستی پیشی گرفت. علاوه بر این، با افزایش تنوع تعداد موارد شامل، کارایی رویکرد بهبود یافت (۵۵). همچنین می‌توان از یادگیری ماشینی برای خودکارسازی تقسیم‌بندی قلب استفاده کرد. برای بررسی عملکرد سیستم گردش خون، اپی‌کاردیوم و اندوکارد بطن چپ باید از هم جدا شوند. با استفاده از مجموعه داده ای از چهل و پنج MRI سینمای قلبی با ایسکمی و نارسایی قلبی غیر ایسکمیک، هیپرتروفی بطن چپ و بیماران معمولی، از یادگیری ماشینی برای خودکارسازی تقسیم بندی قلب استفاده کردند که دقت آن با رویکردهای سنتی قابل مقایسه بود (۵۶).

یادگیری ماشینی در کمک به متخصصان قلب در ایجاد پیش‌بینی‌های دقیق و ارزیابی خطر قلبی-عروقی در زمینه‌های مختلف، که منجر به درمان مناسب می‌شود، چالش مهمی دارد. کوون و همکاران یک روش یادگیری عمیق برای تشخیص ایست قلبی و مرگ و میر در بیمارستان بدون تلاش

یادگیری ماشینی را می‌توان در اکوکاردیوگرافی نیز به کار برد. برای محاسبه خودکار مساحت دریچه آئورت در تنگی آئورت یا کمک به تمایز فنوتیپ‌های مختلف، پیش‌آگهی طراحی شده است (۵۱). نارولا و همکاران در ورزشکاران از یادگیری ماشینی برای تشخیص کاردیومیوپاتی هیپرتروفیک از هیپرتروفی طبیعی قلب استفاده کردند (۵۲). طبقه بندی آنها حساسیت کلی ۸۷ درصد و ویژگی ۸۲ درصد را در گروهی متشکل از ۱۳۹ مرد که تحت اکوکاردیوگرافی دوبعدی قرار گرفتند، نشان داد. طبق گفته مدنی و همکاران، یادگیری عمیق می‌تواند در طبقه‌بندی دیدگاه‌های اکوکاردیوگرافی کمک کند. آن‌ها با استفاده از یک مجموعه آموزشی و اعتبارسنجی از بیش از ۲۰۰۰۰۰ تصویر و یک مجموعه آزمایشی ۲۰۰۰، یک شبکه عصبی کانولوشن را برای تشخیص ۱۵ نمای اکوکاردیوگرافی استاندارد آموزش دادند که با سطح دقت کلی ۹۱٫۷ درصد، از اکوکاردیوگراف‌های تایید شده توسط هیئت مدیره فراتر رفت (۵۳). در تصویربرداری رزونانس مغناطیسی، یادگیری عمیق نیز برای تشخیص و مشخص کردن افزایش تاخیری میوکارد استفاده شده است. این ویژگی می‌تواند به تمایز بین ایسکمی و کاردیومیوپاتی غیر ایسکمیک کمک کند و اختلال عملکرد میوکارد را آشکار کند. محققان گروهی متشکل از ۲۰۰ بیمار را بررسی کردند و دریافتند که دقت آنها از ۷۸/۹ تا ۸۲/۱ درصد متغیر است (۵۴). اگرچه این یافته‌ها برای تمرین بالینی روزانه کافی

جدول ۲. الگوریتم‌های یادگیری ماشینی مورد استفاده در تشخیص سرطان

نوع اومیک	نوع اطلاعات	ابزارهای تجزیه و تحلیل
غیر اومیک	سرطان سینه (۴۰)	آسیب شناسی بالینی Neural Networks, Decision Tree, Logistic Regression
غیر اومیک	سرطان پروستات (۴۱)	آسیب شناسی بالینی ELM, Neural Networks, Genetic Algorithm
غیر اومیک	سرطان ریه (۴۲)	آسیب شناسی بالینی Linear Regression, Support Vector Machines, Gradient Boosting Machines, Decision Tree, DT, Adaboost, RUSBoost algorithm, Matthews correlation coefficient
غیر اومیک	گلیوما (۴۳)	رادئومیک Pathway Based Deep Clustering Model, R89-restricted Boltzmann Machine, Deep Belief Network
یک اومیک	گلیوبلاستوما مولتی فرم و سرطان تخمدان (۴۴)	ژنومیک Ensemble model SVM, ANN, KNN, ROC and calibration slope
غیر اومیک و یک اومیک	سرطان سینه (۴۵)	آسیب شناسی بالینی و ژنومیک RF, CNN
غیر اومیک و یک اومیک	سرطان کلیه (۴۶)	تصویر برداری هیستوپاتولوژی و پروتئومیک
چند اومیک	سرطان سینه و تخمدان (۴۷)	ژنومیک، ترنسکریپتومیک و پروتئومیک Random Forest Regressor, Wilcoxon signed, ranked test, gene-specific model, Generic model trans issue model and RF. L

جدول ۳. الگوریتم‌های یادگیری ماشین در بیماری‌های مختلف انسانی

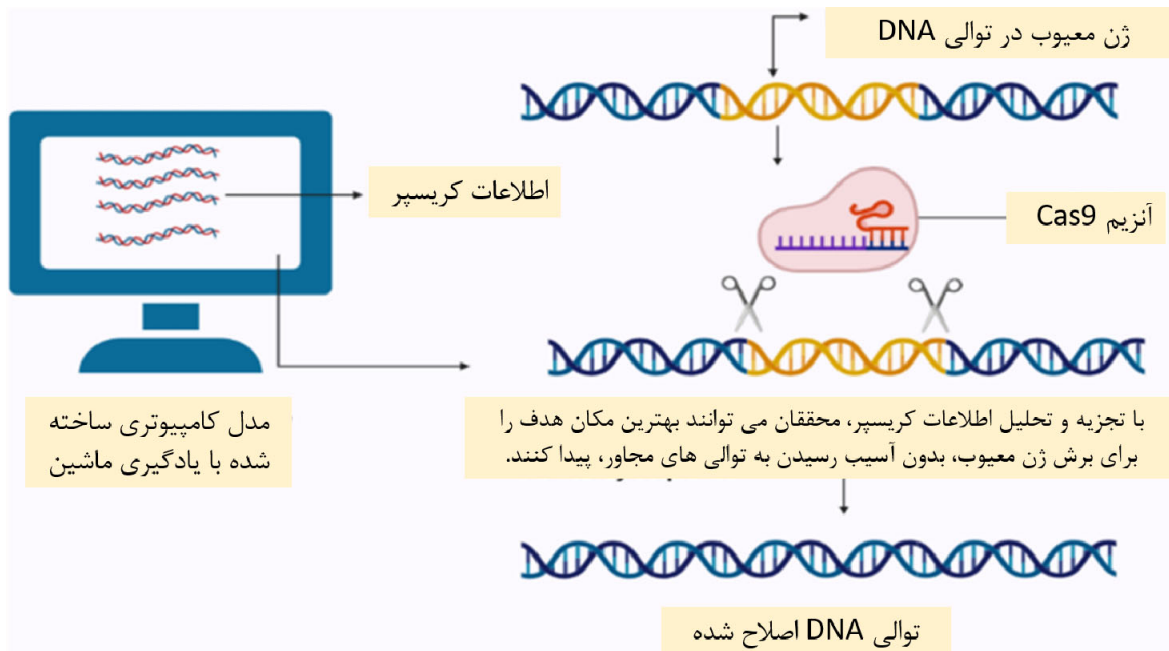
بیماری انسانی	الگوریتم ML	ویژگی‌ها
کویید ۱۹ (۶۷)	ES, LR, LASSO, SVM	هدف نشان دادن چگونگی استفاده از رویکردهای یادگیری ماشین برای تخمین تعداد افراد آینده تحت تأثیر COVID-19 بود که معمولاً به عنوان یک تهدید بالقوه برای بشریت شناخته می‌شود.
سکته مغزی (۶۸)	SVM	رشد همتوم به دلیل این پیش‌بینی است که ICH به طور طبیعی از یک منبع قابل مقایسه ناشی می‌شود که از SVM استفاده شود.
تومور مغزی (۶۹)	KNN, SVM, RF, LDA	هدف از بهترین الگوریتم‌های یادگیری ماشینی و طبقه‌بندی، یادگیری خودکار از آموزش و قضاوت عاقلانه با دقت بالا بود.
بیماری کبدی (۷۰)	J48, SVM & NB	مقایسه استراتژی‌های الگوریتم با دقت بیشتر برای شناسایی بیماری کبدی برای پیش بینی نتیجه قطعی یکسان
آلزایمر (۷۱)	CNN	هدف این پروژه بهبود دقت در سطوح قابل مقایسه با بالاترین پیشرفت، پرداختن به مسئله بیش از حد برازش، و نگاهی به فناوری‌های مغزی معتبر با نشانگرهای تشخیصی AD قابل مشاهده بود.
آلزایمر (۷۲)	SVM	این مطالعه با هدف بررسی جنبه‌های مختلف تشخیص بیماری آلزایمر انجام شد تا ببیند آیا می‌توان از آن به عنوان یک نشانگر زیستی برای تمایز بین AD و سایر افراد استفاده کرد.
پارکینسون (۷۳)	SVM	این مطالعه موثرترین و جامع‌ترین تکنیک را برای پیشنهاد برای بهبود دقت شناسایی بیماری پارکینسون کشف کرد.
بیماری تیروئید (۷۴)	SVM	هدف این مطالعه انتخاب رویکرد اصلی برای طبقه بندی بیماری تیروئید بود که یکی از چالش برانگیزترین وظایف طبقه بندی است.
دیابت (۷۵)	SVM	موثرترین روش‌ها برای تشخیص زودهنگام سرطان سینه را تعیین می‌کند

برای احیا ایجاد کرد. آنها داده‌های ۵۲۱۳۱ فرد بستری شده در دو بیمارستان را در طول ۹۱ ماه تحلیل کردند (۵۷). مرتضوی و همکاران نیز در تحقیقات خود گزارش دادند که یادگیری ماشین ممکن است به پیش‌بینی بستری مجدد بیمارستانی همه‌علته سی روزه در بیماران نارسایی قلبی کمک کند. اگرچه از تحلیل آماری سنتی بهتر عمل کرد، اما این تفاوت برای توجیه کاربرد آن در عمل بالینی روزانه کافی نبود، به دلیل این واقعیت که عوامل مختلف دیگری باید در طول ساخت الگوریتم در نظر گرفته شوند. یکی دیگر از تجویزهای بالقوه یادگیری ماشین، ارزیابی خطر آریتمی بطنی در کاردیومیوپاتی هیپرتروفیک است، اگرچه دقت آن در حال حاضر برای استفاده پزشکی کافی نیست (۵۸).

مشخص کردن خطر قلبی-عروقی در افراد بدون علامت چالش اصلی است. این امر مستلزم بررسی کامل متغیرهای مختلف برای شناسایی الگوهایی است که ممکن است با تجزیه و تحلیل آماری سنتی غیرقابل تشخیص باشند. طبق تحقیقات مختلف، یادگیری ماشین پتانسیل زیادی در این موضوع دارد. علا و همکاران یک تکنیک یادگیری ماشین خودکار را بر اساس مجموعه داده ای از بیش از ۴۰۰۰۰ نفر و بیش از ۴۵۰ متغیر توسعه داد. هنگامی که با امتیاز فرامینگهام مقایسه می‌شود، پیش بینی خطرات قلبی عروقی را افزایش

می‌دهد. همچنین فاکتورهای خطر جدید قلبی عروقی و تعاملات بین سایر ویژگی‌های شخصی را نشان داد (۵۹). یکی دیگر از زمینه‌های جذاب کاربرد یادگیری ماشینی در قلب و عروق، شناسایی خودکار نتایج ناهنجار الکتروکاردیوگرام یا ECG است. آیسین و همکارانش با استفاده از الگوریتم یادگیری عمیق، یک مجموعه داده آنلاین از بیش از ۴۰۰۰ ضبط طولانی مدت هولتر ECG را برای تشخیص آریتمی در ECG استفاده کردند. نرخ تشخیص صحیح ۹۸٫۵ درصد و میزان دقت ۹۲ درصد داشت (۶۰).

یکی از اهداف کلیدی ژنومیک، تعریف عملکرد ژن با ایجاد پیوند بین ژنوتیپ و فنوتیپ است. این برای توسعه مدل‌های پیش‌بینی و پزشکی دقیق بسیار مهم است، اما پیچیدگی DNA همچنان یک محدودیت است. یادگیری عمیق را می‌توان برای انجام مطالعات ارتباطی گسترده ژنومی در مقیاس بزرگ که هم دقیق و هم سریع هستند استفاده کرد (۶۱). تعداد بیشتری از RNA های طولانی غیر کدکننده با ایجاد آترواسکلروز مرتبط است. بنابراین تصور می‌شود که ژنتیک نقش مهمی ایفا می‌کند. بسیاری از تکنیک‌های مورد استفاده برای انجام این تحلیل‌ها مبتنی بر یادگیری عمیق هستند (۶۲). بورگاردت و همکاران پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی (Single-nucleotide polymorphism) یا SNP های مرتبط با اختلالات قلبی ارثی را با استفاده از یک شبکه عصبی تجزیه و



شکل ۳. یک تصویر فرضی از ویرایش ژنی کریسپر از طریق یک مدل محاسباتی یادگیری ماشین

از ۶۸ متغیر بالینی برای پیش بینی مرگ و میر در خونریزی دستگاه گوارش فوقانی غیرواریس با دقت ۹۶/۸٪ استفاده کرد (۶۵). هوش مصنوعی برای پیش‌بینی بقا در آدنوکارسینوم مری، (۶۶) برای پیش‌بینی عود و شدت بیماری التهابی روده، و اطلاع‌رسانی احتمال متاستازهای دور در کارسینوم سلول سنگفرشی مری، در میان سایر کاربردهای مشابه استفاده شده است. این مطالعات اولیه نویدبخش کاربرد در عمل بالینی آینده است.

کاربرد یادگیری ماشین در سایر بیماری‌های انسانی

الگوریتم‌های یادگیری ماشین زمانی کاربردی هستند که این اصطلاحات الگوهای پیچیده را در داده‌های گسترده و موفق تشخیص دهند. این تکنیک به طور کلی در کاربردهای بالینی، به ویژه در افرادی که به ژنومیک و پروتئومیک پیشرفته وابسته هستند، استفاده می‌شود. چندین بیماری انسانی را می‌توان از طریق الگوریتم‌های یادگیری ماشین شناسایی کرده و تشخیص داد. با پیاده‌سازی یک سیستم بهداشتی سالم، می‌توان تصمیمات بالاتری را در مورد درمان بیماران ایجاد کرد. با وجود سرطان‌ها و بیماری‌های قلبی عروقی، الگوریتم‌های یادگیری ماشین را می‌توان در چندین بخش تحقیقاتی برای تشخیص بیماری‌های مختلف انسانی مورد استفاده قرار داد (جدول ۳).

تحلیل کردند. اغلب پروتئین‌هایی که درگیر می‌شوند، میوزین بطنی و پروتئین C متصل شونده به میوزین قلبی بودند (۶۳). در نتیجه، این روش می‌تواند برای کشف ژن‌های مرتبط با فنوتیپ‌های بیماری قلبی که شدیدتر یا زودرس هستند استفاده شود.

۱. کاربردهای هوش مصنوعی در گوارش

کاربرد هوش مصنوعی در گوارش در دهه گذشته بسیار گسترش یافته است. تشخیص به کمک رایانه می‌تواند در کولونوسکوپی برای بهبود تشخیص و تمایز بین پولیپ‌های خوش‌خیم و بدخیم کولون اعمال شود (۱۷). با استفاده از پلتفرم EUS یا سونوگرافی اولتراسوند، هوش مصنوعی برای کمک به تمایز پانکراتیت مزمن از سرطان پانکراس، یک چالش بالینی رایج، استفاده شده است (۶۴).

یادگیری عمیق همچنین می‌تواند برای انجام مدل‌های پیش‌بینی برای پیش‌آگهی و پاسخ به درمان توسعه یابد. چندین شبکه عصبی مصنوعی یا ANN برای مدل‌های تشخیص و پیش‌بینی در گوارش ایجاد و آزمایش شده‌اند. در یک مطالعه گذشته نگر بر روی ۱۵۰ بیمار، از ۴۵ متغیر بالینی برای تشخیص رفلاکس معده یا GERD (Gastroesophageal Reflux Disease) با دقت ۱۰۰٪ استفاده شد.

روتندانو و همکارانش یک مطالعه آینده نگر و چند مرکزی روی ۲۳۸۰ بیمار انجام دادند که در آن شبکه عصبی مصنوعی

ژنومیک و یادگیری ماشین

از زمان تکمیل پروژه ژنوم انسانی، پزشکی ژنومیک به عنوان یک تخصص پزشکی بین‌رشته‌ای با استفاده از اطلاعات ژنومی به سرعت گسترش یافته است. مفهوم اصلی پزشکی ژنومیک شامل تعریف DNA، RNA، ژنوم، اگزوم، اگزون، کدون، بیومارکر، ژرملاین، اینترون، ریزآرایه و سوماتیک است.

ژن‌ها، واحدهای جزئی وراثت، بین ۲۰۰۰۰ تا ۲۵۰۰۰ در انسان باشند. انسان با دو نسخه از ژن به ارث می‌رسد؛ یکی از هر والد. ژنوم انسان از ژن‌های کدکننده (اعم از پروتئینی و غیر پروتئینی) تشکیل شده است. ژن‌ها می‌توانند کمتر از صد یا تا دو میلیون پایگاه DNA را شامل شوند. در نتیجه، ژنوم تعداد ژن‌ها و پیچیدگی شبکه‌های ژنی را منعکس می‌کند (۷۶). موکرجی می‌نویسد: "ژنوم انسان به شدت مبتکر و پویا است، بخش‌هایی از آن به طور غیرمنتظره‌ای زیبا، پوشیده از تاریخ، غیرقابل درک، آسیب‌پذیر، انعطاف‌پذیر، سازگار، تکراری و منحصر به فرد است."

چندین پیشرفت قابل توجه در پزشکی ژنومیک ایجاد شده است: پزشکی دقیق، کریسپر (CRISPR)، آزمایش ژنتیک و ژنومیک درمانی، پزشکی دقیق و ژنومیک به طور جدایی‌ناپذیری مرتبط هستند. پزشکی شخصی (Precision Medicine) یک روش درمانی جدید مبتنی بر بیمار است که ژنتیک، رفتار و محیط را با هدف به کارگیری مداخله درمانی خاص بیمار یا جمعیت به جای یک رویکرد مناسب برای همه افراد، ترکیب می‌کند. تخمین زده می‌شود که داروی دقیق تا سال ۲۰۲۳ به هشتاد و هفت میلیارد دلار در بازار برسد. برای به حداقل رساندن احتمال عوارض، فردی که نیاز به انتقال خون دارد، به جای اهداکننده‌ای که بی‌هدف انتخاب شده باشد، با اهداکننده‌ای با همان گروه خونی جفت می‌شود. چالش‌های اصلی برای پذیرش گسترده تر پزشکی دقیق، هزینه‌های بالا و محدودیت‌های فناوری است.

بسیاری از محققان از تکنیک‌های یادگیری ماشین استفاده می‌کنند تا به آن‌ها کمک کند تا با حجم عظیمی از داده‌های بالینی که باید جمع‌آوری و ارزیابی شوند و در هزینه‌ها صرفه‌جویی کنند، مقابله کنند. کاربردهای یادگیری ماشین تحقیقات ژنتیکی را تغییر می‌دهند، پزشکان مراقبت از بیمار و تحقیقات ژنومیک را تجویز می‌کنند و این حوزه را برای افرادی که می‌خواهند بیشتر در مورد اینکه چگونه ژن‌هایشان ممکن است بر سلامشان تأثیر می‌گذارد، در دسترس‌تر کنند. تعیین توالی DNA به فنوتیپ و شناسایی تنوع به تفسیر پایین دست، یادگیری ماشین و یادگیری عمیق تقریباً بر هر مطالعه ژنومیک

تأثیر گذاشته است. روش‌های یادگیری ماشینی برای مدت طولانی در عملیات بیوانفورماتیک مانند حاشیه‌نویسی ژنوم و پیش‌بینی اثر تغییرات پیاده‌سازی شده‌اند. پیشرفت‌ها در محاسبات، یادگیری عمیق، و گسترش مجموعه‌های داده بیولوژیکی امکان بهبود زمینه‌های کاربردی را فراهم می‌کند.

چنین پیشرفت‌هایی، همراه با سطح بالای تحقیقات و ابزارهای دسترسی آزاد، استفاده از هوش مصنوعی را در طیف گسترده‌ای از تحلیل‌های ژنومیک به پیش می‌برد. در ژنومیک، بخش عمده‌ای از تلاش‌های هوش مصنوعی هنوز در مرحله تحقیق است. به طور خاص، یادگیری عمیق، با تحقیقات زیادی که برای استفاده از این روش‌ها برای کشف مکانیسم‌های بیولوژیکی اساسی که بیماری را تشکیل می‌دهند، هیاهو و اشتیاق زیادی ایجاد می‌کند (۷۷).

توالی یابی ژنوم و یادگیری ماشین

تقلید از هوش انسانی الهام‌بخش الگوریتم‌های هوش مصنوعی است، اما برنامه‌های کاربردی هوش مصنوعی در ژنومیک بالینی، کارهایی را هدف قرار می‌دهند که انجام آن‌ها با استفاده از هوش انسانی غیرعملی بوده و در صورت پرداختن به روش‌های آماری استاندارد، مستعد خطا هستند. بسیاری از تکنیک‌های شرح داده شده در بالا برای رسیدگی به مراحل مختلف درگیر در تجزیه و تحلیل ژنومی بالینی - از جمله فراخوانی واریانت‌ها (variant calling)، حاشیه‌نویسی ژنوم (genome annotation)، طبقه‌بندی واریانت‌ها (variant classification)، و مطابقت فنوتیپ به ژنوتیپ (to-genotype correspondence) اقتباس شده‌اند و شاید در نهایت بتوان آن‌ها را برای پیش‌بینی فنوتیپ ژنوتیپ استفاده کرد (۷۸). تفسیر بالینی ژنوم‌ها به شناسایی واریانت‌های ژنتیکی فردی در میان میلیون‌ها جمعیت هر ژنوم حساس است و دقت فوق‌العاده‌ای را ایجاب می‌کند.

ابزارهای استاندارد فراخوانی واریانت‌ها مستعد خطاهای سیستماتیک هستند که با ظرافت‌های آماده‌سازی نمونه، فناوری توالی‌یابی، زمینه توالی و تأثیر گاهی اوقات غیرقابل پیش‌بینی زیست‌شناسی مانند موزائیسیم جسمانی مرتبط است (۷۹). ترکیبی از تکنیک‌های آماری شامل ویژگی‌های دستی (hand-crafted features) مانند جهت‌گیری رشته‌ای (strand-bias) (۸۰) یا وابستگی‌های سطح جمعیت (population-level dependencies) (۸۱) برای رسیدگی به این مسائل استفاده می‌شود که منجر به دقت بالا، اما خطاهای جانبی می‌شود (۸۲). الگوریتم‌های هوش مصنوعی می‌توانند

تعیین مطابقت بین فنوتیپ فرد بیمار و فنوتیپ‌هایی است که انتظار می‌رود از هر گونه بیماری‌زای کاندید حاصل شود. الگوریتم‌های هوش مصنوعی می‌توانند به طور قابل توجهی تناسب فنوتیپ به ژنوتیپ را افزایش دهند.

روش‌های زیادی برای طبقه‌بندی واریانت‌های غیر مترادف (nonsynonymous variants) توسعه داده شده است (۹۰). برخی از این روش‌ها در فرآیند پیش‌بینی‌کننده‌های مبتنی بر یادگیری عمیق (deep-learning-based meta-predictors) (مدل‌هایی که پیش‌بینی‌های تولید شده توسط چندین پیش‌بینی‌کننده دیگر را پردازش و ادغام می‌کنند) ادغام شده‌اند. به عنوان مثال، رویکرد کاهش وابسته به حاشیه نویسی ترکیبی (CADD: combined annotation-dependent depletion) (۹۱) انواع مختلفی از ویژگی‌های پیش‌بینی را در یک الگوریتم یادگیری ماشینی برای پیش‌بینی مضر بودن واریانت‌های ژنتیکی ترکیب می‌کند. یک برنامه افزودنی مبتنی بر یادگیری عمیق CADD، به نام DANN، عملکرد بهبود یافته‌ای را با استفاده از مجموعه ویژگی‌های ورودی مشابه CADD اما در یک شبکه عصبی عمیق ترکیب شده نشان داد (۹۲).

WGS (توالی‌یابی کل ژنوم: Whole Genome Sequencing) به یک موضوع داغ در تشخیص پزشکی تبدیل شده است. روش سنتی توالی‌یابی سانگر (Sanger) بیش از ده سال طول کشید تا کل ژنوم انسان برای تعیین توالی تکمیل شود. در مقابل، توالی‌یابی نسل بعدی (NGS) تبدیل به یک نقطه عطف شده است که فرآیند توالی‌یابی DNA مدرن را در بر می‌گیرد و به دانشمندان اجازه می‌دهد کل ژنوم را در یک روز توالی‌یابی کنند. شرکت‌هایی مانند "Deep Genomics" از یادگیری ماشینی برای کمک به دانشمندان در تفسیر تناوب ژنتیکی استفاده می‌کنند. مدل‌های یادگیری ماشینی بر اساس ترتیب کشف شده در مجموعه داده‌های ژنوم بزرگ ایجاد می‌شوند و سپس به مدل‌های کامپیوتری تبدیل می‌شوند تا به دانشمندان در درک چگونگی تأثیر انواع ژنتیکی بر فرآیندهای حیاتی سلولی کمک کنند. ترمیم DNA، متابولیسم و رشد سلولی به عنوان فعالیت‌های سلولی شناخته می‌شود. اختلال در عملکرد منظم این مسیرها می‌تواند باعث ایجاد اختلالاتی مانند سرطان‌زایی شود.

کاربرد هوش مصنوعی در طراحی دارو و زیست‌حسگرها

فناوری‌های مبتنی بر ML و هوش مصنوعی ممکن است به طراحی داروهای جدید و شناسایی اثربخشی و اثرات نامطلوب

این جهت‌گیری‌ها را از یک ژنوم با استاندارد طلایی شناخته‌شده فراخوانی واریانت‌های مرجع بیاموزند و فراخوانی‌های متفاوت برتر را تولید کنند. DeepVariant، یک فراخوانی واریانت مبتنی بر CNN که مستقیماً در خواندن الایمنت‌ها آموزش داده شده است، بدون هیچ دانش تخصصی در مورد ژنومیک یا پلت‌فرم‌های توالی‌یابی، اخیراً نشان داده شده است که در برخی از وظایف فراخوانی از ابزارهای استاندارد بهتر عمل می‌کند (۸۳).

هر فرآیند توالی‌یابی می‌تواند اشتباهات و خطاهایی را ایجاد کند. انواع خطاها با توجه به فرآیند و پلتفرم مورد استفاده متفاوت است. یادگیری ماشینی می‌تواند به بهبود دقت توالی‌یابی کمک کند. برخی از تکنیک‌های توالی‌یابی به پروب DNA مکمل برای گرفتن نواحی هدف DNA بستگی دارند که می‌توانند با ضریب ۱۰۰۰۰ در بازده اتصال متفاوت باشند. محققان یک مدل ML برای پیش‌بینی نرخ اتصال به DNA از داده‌های توالی‌یابی برای کمک به ساخت پروب‌های مؤثر ایجاد کرده‌اند (۸۴).

روش‌های فراخوانی بازهای بهبود یافته (Improved base-calling methods) یکی از راهبردها برای افزایش دقت توالی‌یابی نسل سوم در زیر برخی از فناوری‌های توالی‌یابی کوتاه خوانده شده است. یادگیری عمیق ممکن است ابزارهای محاسباتی را برای مقابله با دقت داده‌های توالی خوانده‌شده طولانی و در نتیجه قابلیت استفاده بالینی ارائه دهد.

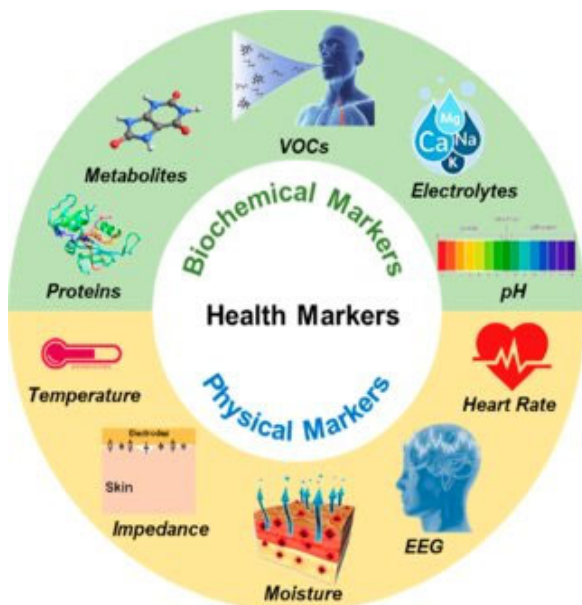
شناسایی محاسباتی و پیش‌بینی تنوع‌های بیماری‌زای غیرکدکننده یک چالش باز در ژنومیک انسانی است (۸۵). یافته‌های اخیر نشان می‌دهد که الگوریتم‌های هوش مصنوعی به طور قابل توجهی توانایی ما را برای درک تغییرات ژنتیکی غیرکدکننده بهبود می‌بخشند. نقص‌های ویرایش یا اسپلیسینگ در ژن‌ها مسئول حداقل ۱۰ درصد از تغییرات ژنتیکی بیماری‌زای نادر هستند (۸۶)، اما به دلیل پیچیدگی تقویت‌کننده‌های ویرایش اینترونی و اگزونی، خاموش‌کننده‌ها، تحرک‌کننده‌ها و سایر برهم‌کنش‌های DNA، شناسایی آنها دشوار است که بر ویرایش ژن تأثیر می‌گذارد (۸۷). SpliceAI، یک شبکه عصبی عمیق ۳۲ لایه، قادر به پیش‌بینی اتصالات متعارف و غیر متعارف به طور مستقیم از داده‌های توالی اتصال اگزون-اینترن است (۸۸).

ژنوم انسان حاوی واریانت‌ها ژنتیکی متعددی است که یا قبلاً به عنوان بیماری‌زا توصیف شده‌اند یا پیش‌بینی شده است که بیماری‌زا هستند (۸۹). بنابراین، تشخیص مولکولی بیماری اغلب مستلزم شناسایی انواع بیماری‌زای کاندید و

آزمایشی بیماری و تسریع و اطلاع‌رسانی توسعه داروهای ایمن‌تر و دقیق‌تر حیاتی خواهد بود.

به این دلایل، شرکت‌های داروسازی فناوری کریسپر را در اولویت قرار می‌دهند. GSK از توافق چند میلیون دلاری با دانشگاه کالیفرنیا برای ساخت آزمایشگاه کریسپر خبر داده است که بخش هوش مصنوعی GSK از تجزیه و تحلیل داده‌ها پشتیبانی می‌کند.

یکی از کاربردهای هوش مصنوعی در صنعت داروسازی «هدف باز» است که یک تلاش استراتژیک نسبتاً جدید برای بررسی رابطه بین اهداف دارویی و بیماری‌ها و همچنین چگونگی ارتباط ژن‌های خاص با بیماری‌ها است (۹۷). SPIDER یکی دیگر از تکنیک‌های هوش مصنوعی است که برای تعیین نقش محصولات طبیعی در کشف دارو طراحی شده است (۹۸). علاوه بر این، مطالعات کمی رابطه ساختار-فعالیت (QSAR) به ویژه در ایجاد داروهای مؤثر جدید در مدت زمان بسیار کوتاه با استفاده از ابزار شبیه‌سازی رایانه‌ای مفید هستند (۹۹).



شکل ۴. نشانگرهای سلامت بیوشیمیایی و بیوفیزیکی

حسگرهای پزشکی متفاوتی برای پایش و تشخیص بیماری‌ها، با تجزیه و تحلیل نشانگرها، به‌ویژه نشانگرهای بیوشیمیایی موجود در مایعات بدن (مانند عرق، ادرار، نفس، اشک، بزاق) ساخته شده‌اند (۱۰۰). نظارت مستمر و غیر تهاجمی سیگنال‌های فیزیولوژیکی، علائم حیاتی و نشانگرهای زیستی در بیو سیال‌ها و سیگنال‌های بافت عمیق مانند سیگنال‌های الکتروفیزیولوژیک و متابولیک توسط شبکه‌های حسگر زیستی

آنها قبل از تولید واقعی کمک کنند و زمان صرف شده برای آوردن یک دارو از آزمایشگاه به بازار برای افراد عادی را به شدت کاهش دهند (۹۳). بسیاری از شرکت‌های داروسازی به دلیل امکان ادغام مدل‌های یادگیری ماشین در تمام مراحل کشف دارو، منابعی را در این زمینه سرمایه‌گذاری کرده‌اند (۲۸). یادگیری ماشین به دلایل مختلفی در این مجموعه داده‌ها در ژنومیک استفاده می‌شود، از جمله تعریف زیرگروه‌های بیماری، یافتن نشانگرهای زیستی بیماری‌ها، کشف دارو و استفاده مجدد و پیش‌بینی پاسخ دارویی.

بسیاری از کسب و کارهای بزرگ دارویی در حال کار بر روی برنامه‌ها یا همکاری‌های تحقیق و توسعه مرتبط با هوش مصنوعی هستند. به عنوان مثال، AstraZeneca و Benevolent از هوش مصنوعی برای سرعت بخشیدن به کشف اهداف دارویی جدید با ترکیب ژنوم، شیمی و داده‌های بالینی استفاده می‌کنند. GlaxoSmithKline (GSK) در شرکت بیوتکنولوژی 23andMe سرمایه‌گذاری کرده است و به مجموعه داده‌های این شرکت وارد شده است تا از یادگیری ماشین برای کشف اهداف دارویی استفاده کند. این داروساز همچنین همکاری‌هایی را با کسب و کارهای کشف دارو هوش مصنوعی توسعه داده است.

یک حوزه دیگر از تحقیقات درمانی که از یادگیری ماشینی کمک می‌گیرد، ویرایش ژنوم است که شامل حذف، افزودن یا تغییر بخش‌هایی از DNA است. ظهور درمان هدفمند باعث رشد در پزشکی دقیق شده است (۹۴). تکنیک‌های ویرایش ژنوم به طور فزاینده‌ای برای اهداف درمانی مانند جایگزینی یا تغییر یک ژن معیوب در بیماران استفاده می‌شود. این مطالعه اهمیت ژن‌ها و توالی‌های DNA را بهتر درک می‌کند.

کریسپر (CRISPR) انعطاف‌پذیرترین، مقرون‌به‌صرفه‌ترین و ساده‌ترین فناوری برای ویرایش ژنوم در حال حاضر موجود است. این با الگوریتم‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق برای بهبود کارایی و دقت آن آموزش داده شده است (شکل ۳)

بحث

رویکردهای الگوریتمی یادگیری ماشین برای پیش‌بینی فعالیت سیستم ویرایش، تفاوت‌های دقیق ناشی از ویرایش‌ها (۹۵) و پیامدهای خارج از هدف مانند تغییر ناخواسته DNA که ممکن است فناوری را مختل کند، ابداع شده‌اند (۹۶). پیشرفت در پیش‌بینی سیلیکون برای توسعه مدل‌های

دستگاه‌های سنجش الکتروفیزیولوژیکی چندوجهی ایجاد کرد (۱۰۹).

مطالعات اخیر بیانگر آن است که ترکیب هوش مصنوعی با فناوری نانو سبب می‌شود که علاوه بر این که در درمان دقیق سرطان مفید واقع می‌شود، توانایی جالبی را نیز در تشخیص و شناسایی تومور، پاسخ درمانی و پیش‌بینی سمیت نانوداروها و تصمیم‌گیری درمانی در حوزه پزشکی شخصی از خود نشان می‌دهد. پیش‌بینی راندمان کپسوله‌سازی دارو و سینتیک آزادسازی، برهمکنش نانوذرات با داروی مورد نظر، محیط‌های بیولوژیکی و غشای سلولی می‌تواند به بهینه‌سازی فرمول‌های نانودارو کمک کند. به دلیل این قابلیت‌های خاص، هوش مصنوعی به دلیل پیچیدگی بالا و پیشرفت مداوم، در کاربردهای بیوفیزیکی جدید (از جمله درمان سرطان) ایده‌آل شده است (۱۱۰).

نتیجه‌گیری

پیش‌بینی و شناسایی زود هنگام بیماری و درمان دقیق آن بر اساس پزشکی شخصی‌سازی شده، حتی زمانی که بیماری‌ها در شرایط بدون علامت هستند، نمونه‌هایی از حوزه‌های کلیدی در علم پزشکی هستند که ممکن است از هوش مصنوعی بهره‌مند شوند. این فن‌آوری، نه تنها جان میلیون‌ها نفر را نجات می‌دهد، بلکه هزینه‌های پزشکی را نیز کاهش خواهد داد. هوش مصنوعی (AI) در حال حاضر پتانسیل بهبود کیفیت زندگی انسان‌ها را دارد. پزشکی دقیق به سرعت در حال پیشرفت است، اگرچه هنوز چالش‌های زیادی وجود دارد. این چالش‌ها شامل تجهیزات جدید اضافی، سیستم‌های بهداشت عمومی، پایگاه‌های اطلاعاتی و رویکردهایی برای تقویت موثر شبکه و قابلیت همکاری فناوری‌های بالینی، آزمایشگاهی، پیشرفته، مشکلات در مراقبت‌های بهداشتی و داده‌های آمیک است.

حسگرهای زیستی پوشیدنی با کمک هوش مصنوعی می‌توانند نشانگرهای زیستی مختلف در سیالات زیستی را برای تشخیص بیماری و مداخله زود هنگام به طور دقیق و پیوسته پایش کنند (۱۱۱، ۱۱۲). ادغام الگوریتم‌های یادگیری ماشین مناسب، جریان پردازش داده‌های بزرگ با ابعاد بالا را برای استخراج اطلاعات بهداشتی ارزشمند از داده‌های سنجش زیستی تسهیل می‌کند. از آنجایی که اکثر گوشی‌های هوشمند تجاری موجود دارای اجزای سخت‌افزاری اضافی مانند دوربین‌ها، ورودی‌ها و خروجی‌های صوتی، NFC، شبکه‌های سلولی 5G و بلوتوث هستند، ادغام گوشی‌های هوشمند با

هوش مصنوعی پوشیدنی (Wearable artificial intelligence biosensor networks)، جایگزین مؤثری برای تشخیص تهاجمی مبتنی بر خون است (۱۰۱). از هوش مصنوعی برای جمع‌آوری مجموعه‌ای از داده‌ها توسط حسگرهای پزشکی برای کارهایی مانند کمک به تشخیص، پیشرفت، پیش‌بینی بیماری/ریسک ابتلا به بیماری، و ... استفاده می‌شود. نشانگرهای سلامت مربوطه که برای پایش و تشخیص بیماری استفاده می‌شوند، از جمله الکترولیت‌ها، متابولیت‌ها، پروتئین‌ها، دما، ضربان قلب و غیره، در شکل ۴ نشان داده شده‌اند.

نوعی حسگر زیستی قابل بلع وجود دارد که از دسته حسگرهای دارویی دیجیتال است. این حسگر قرص‌های هوشمند حاوی ریزتراشه‌های قابل بلع، یک پچ پوشیدنی، نرم-افزار موبایل بیمار و سایر لوازم جانبی را شامل می‌باشد. حسگرپس از بلع فعال شده و سیگنالی را به روی پوست منتقل می‌کند. سپس، پرونده‌ای برای موبایل بیمار ارسال می‌شود. این حسگرهای زیستی خوراکی برای نظارت بر مداومت در درمان سل، بهداشت دستگاه گوارش و انطباق داروها استفاده شده‌اند (۱۰۲).

در دنیای واقعی، داده‌های سیگنال پزشکی را می‌توان با استفاده از حسگرهای پوشیدنی (۱۰۳)، مانند تلفن‌های هوشمند یا ساعت‌های هوشمند، به صورت غیرفعال جمع‌آوری کرد (۱۰۴). روش سنتی دریافت سیگنال‌ها از طریق الکترودهای ژلی است که روی بدن قرار می‌گیرد. علاوه بر استفاده از پوشیدنی‌های سنتی مانند ساعت‌های هوشمند و ردیاب‌های تناسب اندام، پیشرفت‌های اخیر در ساخت و الکترونیک منجر به ادغام الکترودهای حسگر زیستی در دستگاه‌های دیگر مانند عینک (۱۰۵)، نمایشگرهای VR روی سر و منسوجات شده است.

جریان جدیدی از دستگاه‌های محاسباتی به نام دستگاه‌های اپیدرمی امکان گرفتن غیرتهاجمی سیگنال‌های فیزیولوژیکی را از طریق خالکوبی‌های تعاملی نرم فراهم می‌کنند (شکل ۵) (۱۰۶). این دستگاه‌های اپیدرمی می‌توانند سیگنال‌های الکتروفیزیولوژیکی (۱۰۷) و سیگنال‌های الکتروشیمیایی را در بدن اندازه‌گیری کنند (۱۰۸). علاوه بر همه این پیشرفت‌ها، ابزارهای محاسباتی و رویکردهای به کمک هوش مصنوعی برای خودکار سازی و سفارشی‌سازی طراحی پوشیدنی‌های حسگر زیستی به طور فعال در حال بررسی هستند. به عنوان مثال، نیتالا و همکاران یک ابزار طراحی محاسباتی ساخته شده با یک مدل پیش‌بینی یکپارچه برای بهینه‌سازی طراحی

دهد (۱۱۵). داده‌های مربوط به شیوه زندگی همراه با داده‌های بالینی از EHR و داده‌های ژنتیکی می‌تواند درمان را به سمت پزشکی شخصی سوق دهد و در عصر داده‌های بزرگ، مطالعات هدایت شده توسط هوش مصنوعی به مجموعه داده‌های ژنومی پیچیده تر تبدیل می‌شوند که منجر به درمان‌های بالینی پیچیده‌تر و بهبود در پزشکی دقیق می‌شود.

ترویج سبک زندگی سالم و کشف تکنیک‌های خلاقانه برای شناسایی، پیشگیری و درمان بیماری‌هایی که معمولاً افراد را تحت تأثیر قرار می‌دهند، دو هدف بهداشت عمومی هستند. پیشرفت پزشکی دقیق و ورود هوش مصنوعی به مراقبت‌های بهداشتی به سمت رویکردی فردگرایانه و نه مبتنی بر جمعیت، برای کنترل بیماری پیش می‌رود. پزشکی دقیق، هوش مصنوعی و اطلاعات دقیق در مورد شرایط بیماری شانس قابل توجهی را برای کاهش هزینه‌ها و برنامه‌ریزی بهداشت عمومی ارائه می‌کند. از سوی دیگر، کمیت و وسعت کاربردهای هوش مصنوعی در ژنومیک به سرعت در حال رشد است.

زمینه‌های هوش مصنوعی و تحقیقات بیولوژیکی بیشتر در حال تنیده شدن هستند و روش‌های استخراج و بکارگیری اطلاعات ذخیره شده در موجودات زنده دائماً در حال اصلاح هستند. همان‌طور که زمینه هوش مصنوعی با الگوریتم‌های پیشرفته‌تر بالغ می‌شود، پتانسیل کاربرد آن در اپیدمیولوژی، مطالعه برهم‌کنش‌های میزبان و بیماری‌زا و طراحی دارو و واکسن گسترش می‌یابد (۱۱۶). هوش مصنوعی اکنون در چندین زمینه کشف دارو، پزشکی دقیق، ویرایش ژن، رادیوگرافی، پردازش تصویر، مدیریت دارو، ژنومیک و زیست حسگرها کاربرد دارد. تشخیص دقیق تر و درمان مقرون به صرفه در آینده نزدیک به دلیل استفاده از فناوری‌های مبتنی بر هوش مصنوعی امکان‌پذیر خواهد بود (۱۱۷). در حالی که هوش مصنوعی هنوز نقطه عطفی در تجزیه و تحلیل ژنومیک بالینی ایجاد نکرده است، کمک قابل توجهی به کیفیت و دقت پیش‌بینی‌های انجام شده در سراسر مسیر تجزیه و تحلیل ژنوم می‌کند. با توجه به افزایش دامنه و سرعت عمل، این تغییرات در مجموع می‌تواند منجر به بهبود قابل توجهی شود (۸۵). اگرچه استفاده از ابزارهای AI/ML در ژنومیک هنوز در مراحل اولیه است، محققان قبلاً از توسعه برنامه‌هایی که به روش‌های خاصی کمک می‌کنند، سود برده‌اند. برخی از نمونه‌ها عبارتند از بررسی چهره افراد با برنامه‌های هوش مصنوعی، تجزیه و تحلیل چهره برای شناسایی دقیق اختلالات ژنتیکی. استفاده از تکنیک‌های یادگیری ماشین برای شناسایی نوع اولیه سرطان از بیوپسی مایع، پیش بینی چگونگی پیشرفت نوع

سیستم‌های حسگر زیستی، دسترسی به حسگرهای زیستی پوشیدنی را بیشتر می‌کند و فرصتی برای مراقبت‌های بهداشتی شخصی‌سازی شده فراهم می‌کند (۱۱۳). با این وجود، هنوز چالش‌های متعددی برای شبکه‌های حسگر زیستی هوش مصنوعی پوشیدنی WAIBN وجود دارد، مانند تفسیرپذیری مدل، قابلیت اطمینان مدل، سازگاری مدل، محدودیت قدرت پوشیدنی‌ها و امنیت داده‌ها. برای حفظ تفسیرپذیری مدل، مدل هوش مصنوعی باید یک مدل قابل تفسیر باشد تا به کاربران و ارائه دهندگان مراقبت‌های بهداشتی اجازه دهد تصمیم اتخاذ شده توسط مدل را درک کنند. دانش و استدلال انسانی باید در مدل‌های هوش مصنوعی گنجانده شود تا فرآیند آموزش و تصمیم‌گیری را تنظیم کند، نتایج مبتنی بر شواهد بالینی ارائه کند و حجم نمونه مورد نیاز برای آموزش مدل را کاهش دهد. عامل انسانی مهم‌ترین عاملی است که بر عملکرد تیم هوش مصنوعی تأثیر می‌گذارد، جایی که انسان‌ها هنوز باید نتایج مدل را تفسیر کنند. علاوه بر این، از آنجایی که الگوریتم‌های هوش مصنوعی باید ویژگی‌های داده‌های موجود را بیاموزند، فرآیند جمع‌آوری داده‌ها می‌تواند به طور قابل توجهی بر عملکرد مدل هوش مصنوعی تأثیر بگذارد. جمع‌آوری نمونه‌های کافی به‌ویژه برای فرآیند جمع‌آوری داده‌های بیماری‌های نادر و زیرجمعیت‌ها دشوار است. مدل آموزش داده شده با استفاده از داده‌های غیرنماینده برای اهداف پزشکی غیرقابل اعتماد است؛ زیرا اثبات مدل هوش مصنوعی دشوار است و ممکن است منجر به عملکرد پایین‌تر در زیرجمعیت‌ها شود. داده‌های مصنوعی روشی کارآمد برای تکمیل داده‌های مربوط به بیماری‌ها و زیرجمعیت‌های نادر است. با این حال، قابلیت اطمینان مدل‌های هوش مصنوعی مرتبط با پزشکی که توسط داده‌های مصنوعی به جای داده‌های دنیای واقعی آموزش داده شده‌اند، هنوز نیاز به آزمایش بیشتری دارد (۱۱۴). موانع اصلی برای استفاده بهینه از هوش مصنوعی می‌تواند شامل فقدان درک عمیق از هوش مصنوعی توسط پزشکان، فقدان مسیرهای استاندارد بیوانفورماتیک، عدم شفافیت در مدل‌های هوش مصنوعی، مشکلات در تفسیر محدودیت‌های یادگیری عمیق (در مقایسه با استنباط‌های آماری سنتی)، فقدان داده‌های فنوتیپی خوب و کیفیت داده‌های ژنومی ضعیف باشد. با این حال، با گذشت زمان و تحقیقات بیشتر، این موانع برطرف خواهند شد و ترکیب مدل‌های هوش مصنوعی منجر به تفسیرهای پیچیده‌تر می‌شود که در نهایت ممکن است تصمیم‌گیری‌های بالینی در همه شاخه‌های پزشکی را بهبود

تسریع می‌کنند. سیستم‌های هوش مصنوعی از عملکرد روش‌های پیشرفته پیشی گرفته‌اند و مجوز FDA را برای انواع تشخیص‌های بالینی، به‌ویژه تشخیص‌های مبتنی بر تصویربرداری به دست آورده‌اند. در دسترس بودن مجموعه داده‌های بزرگ برای آموزش، به عنوان مثال، مجموعه‌های بزرگی از تصاویر پزشکی مشروح شده یا مجموعه داده‌های ژنومیک عملکردی بزرگ، در ارتباط با پیشرفت‌های الگوریتم‌های هوش مصنوعی و در سیستم‌های GPU مورد استفاده برای آموزش آنها، باعث افزایش بهره‌وری می‌شود. در حال حاضر، به نظر می‌رسد امیدوارکننده‌ترین کاربردهای هوش مصنوعی در ژنومیک بالینی، استخراج اطلاعات فنوتیپی عمیق از تصاویر، EHR و سایر دستگاه‌های پزشکی برای اطلاع از تجزیه و تحلیل ژنتیکی پایین دست است. علیرغم پتانسیل عظیم آن، اگر هوش مصنوعی انتظارات بالای انقلابی در پزشکی ژنومیک را برآورده کند، باید بر موانع متعددی غلبه کرد.

خاصی از سرطان در بیمار، شناسایی انواع ژنومی عامل بیماری در مقایسه با انواع خوش‌خیم با استفاده از یادگیری ماشینی و استفاده از یادگیری عمیق برای بهبود عملکرد ابزارهای ویرایش ژن مانند CRISPR. این‌ها تنها چند روش هستند که روش‌های AI/ML به پیش‌بینی و شناسایی الگوهای پنهان در داده‌های ژنومی کمک می‌کنند. دانشمندان همچنین از AI/ML برای پیش‌بینی تغییرات آینده در ژنوم ویروس‌های آنفلانزا و SARS-CoV-2 برای کمک به تلاش‌های بهداشت عمومی استفاده می‌کنند.

مزایای ارائه شده توسط مدل‌های هوش مصنوعی برای تجزیه و تحلیل اطلاعات زیست‌پزشکی پیچیده و فراوان، پتانسیل زیادی برای سرعت بخشیدن به پیشرفت‌های پزشکی ژنتیک دارد و بیوتکنولوژی در آینده توسعه امیدوارکننده‌ای را از طریق یادگیری ماشینی در زمینه پزشکی به ارمغان خواهد آورد. مشکل اصلی، پر کردن شکاف پژوهش به کلینیک است، زیرا یادگیری ماشینی و یادگیری عمیق سرعت اکتشافات را

REFERENCES

1. Kaul V, Enslin S, Gross SA. History of artificial intelligence in medicine. *Gastrointest Endoscop* 2020;92:807-12.
2. Aronson SJ, Rehm HL. Building the foundation for genomics in precision medicine. *Nature* 2015;526.
3. Makary MA, Daniel M. Medical error-the third leading cause of death in the US. *BMJ* 2016;353:i2139.
4. Sboner A, Elemento O. A primer on precision medicine informatics. *Brief Bioinform* 2016;17.
5. He J, Baxter SL, Xu J, Xu J, Zhou X, Zhang K. The practical implementation of artificial intelligence technologies in medicine. *Nat Med* 2019;25.
6. Ehteshami Bejnordi B, Veta M, Johannes van Diest P, van Ginneken B, Karssemeijer N, Litjens G, et al. Diagnostic Assessment of Deep Learning Algorithms for Detection of Lymph Node Metastases in Women With Breast Cancer. *JAMA* 2017;318:2199-210.
7. Bello GA, Dawes TJW, Duan J, Biffi C, de Marvao A, Howard L, et al. Deep learning cardiac motion analysis for human survival prediction. *Nat Mach Intell* 2019;1:95-104.
8. Swapna M, Viswanadhula UM, Aluvalu R, Vardharajan V, Kotecha K. Bio-Signals in Medical Applications and Challenges Using Artificial Intelligence. *Journal of Sensor and Actuator Networks* 2022;11:17.
9. Vashistha R, Dangi AK, Kumar A, Chhabra D, Shukla P. Futuristic biosensors for cardiac health care: an artificial intelligence approach. *3 Biotech* 2018;8:358.
10. Mehrotra P. Biosensors and their applications - a review. *J Oral Biol Craniofac Res* 2016;6:153-9.
11. Jin X, Liu C, Xu T, Su L, Zhang X. Artificial intelligence biosensors: Challenges and prospects. *Biosens Bioelectron* 2020;165:112412.
12. Gupta RR. Application of Artificial Intelligence and Machine Learning in Drug Discovery. *Methods Mol Biol* 2022; 2390:113-124.
13. Chopra H, Baig AA, Gautam RK, Kamal MA. Application of Artificial Intelligence in Drug Discovery. *Curr Pharmaceut Design* 2022;28:2690-703.
14. Farghali H, Kutinová Canová N, Arora M. The potential applications of artificial intelligence in drug discovery and development. *Physiol Res* 2021;70:S715-22.
15. Jiménez-Luna J, Grisoni F, Weskamp N, Schneider G. Artificial intelligence in drug discovery: recent advances and future perspectives. *Expert Opin Drug Discov* 2021;16:949-59.
16. van Hartskamp M, Consoli S, Verhaegh W, Petkovic M, van de Stolpe A. Artificial Intelligence in Clinical Health Care Applications: Viewpoint. *Interact J Med Res* 2019;8:e12100.

17. Ruffle JK, Farmer AD, Aziz Q. Artificial intelligence-assisted gastroenterology—promises and pitfalls. *Am J Gastroenterol* 2019;114:422-8.
18. Greenhill AT, Edmunds BR. A Primer of AI in Medicine. *Techniques in Gastrointestinal Endoscopy*. 2019; 22: 85-89.
19. Zou J, Huss M, Abid A, Mohammadi P, Torkamani A, Telenti A. A primer on deep learning in genomics. *Nat Genet* 2019;51.
20. Kaur P, Sharma M, Mittal M. Big data and machine learning-based secure healthcare framework. *Procedia Comput Sci* 2018;132.
21. Gianfrancesco MA, Tamang S, Yazdany J, Schmajuk G. Potential biases in machine learning algorithms using electronic health record data. *JAMA Intern Med* 2018;178.
22. Quazi S. A vaccine in response to COVID-19 :Recent developments, challenges, and a way out. *Biomedical and Biotechnology Research Journal (BBRJ)* 2021;5:105-109.
23. Cho G, Yim J, Choi Y, Ko J, Lee SH. Review of Machine Learning Algorithms for Diagnosing Mental Illness. *Psychiatry Investig* 2019;16:262-69.
24. Haenssle HA, Fink C, Schneiderbauer R, Toberer F, Buhl T, Blum A, et al. Man against machine: diagnostic performance of a deep learning convolutional neural network for dermoscopic melanoma recognition in comparison to 58 dermatologists. *Ann Oncol* 2018;29:1836-42.
25. Rajkomar A, Oren E, Chen K, Dai AM, Hajaj N, Hardt M, et al. Scalable and accurate ***deep learning with electronic health records. *NPJ Digital Medicine*. 2018;1:18.
26. Xu W, Zhao Y, Nian S, Feng L, Bai X, Luo X, et al. Differential analysis of disease risk assessment using binary logistic regression with different analysis strategies. *J Int Med Res* 2018;46: 3656-3664.
27. Mandelkow H, Zwart JA, Duyn JH. Linear discriminant analysis achieves high classification accuracy for the BOLD fMRI response to naturalistic movie stimuli. *Front Hum Neurosci* 2016;10:128.
28. Tsai WM, Zhang H, Buta E, O'Malley S, Gueorguieva R. A modified classification tree method for personalised medical decisions. *Stat Interface* 2016;9:239-53.
29. Chern CC, Chen YJ, Hsiao B. Decision tree-based classifier in providing telehealth service. *BMC Med Inform Decis Mak* 2019;19:104.
30. Lee J. Patient-Specific Predictive Modeling Using Random Forests: An Observational Study for the Critically Ill. *JMIR medical informatics*. 2017;5:e3.
31. DuBrava S, Mardekian J, Sadosky A, Bienen EJ, Parsons B, Hopps M, et al. Using random forest models to identify correlates of a diabetic peripheral neuropathy diagnosis from electronic health record data. *Pain Med* 2017;18:107-15.
32. Madadizadeh F, Asar ME, Bahrapour A. Quantile regression and its crucial role in promoting medical research. *Iran J Public Health* 2016;45:116-17.
33. Doing-Harris K, Mowery DL, Daniels C, Chapman WW, Conway M. Understanding patient satisfaction with received healthcare services: a natural language processing approach. *AMIA Annu Symp Proc* 2017;2016:524-33.
34. Waghlikar KB, Vijayraghavan S, Deshpande AW. Fuzzy Naive Bayesian model for medical diagnostic decision support. *Annu Int Conf IEEE Eng Med Biol Soc* 2009;2009:3409-12.
35. Vitola J, Pozo F, Tibaduiza DA, Anaya M. A Sensor Data Fusion System Based on k-Nearest Neighbor Pattern Classification for Structural Health Monitoring Applications. *Sensors (Basel)* 2017;17:417.
36. Esmaili N, Piccardi M, Kruger B, Girosi F. Correction: Analysis of healthcare service utilization after transport-related injuries by a mixture of hidden Markov models. *PLoS One* 2019;14:e0214973.
37. Huttunen MJ, Hassan A, McCloskey CW, Fasih S, Upham J, Vanderhyden BC, et al. Automated classification of multiphoton microscopy images of ovarian tissue using deep learning. *J Biomed Optics* 2018;23:1-7.
38. Brinker TJ, Hekler A, Enk AH, Berking C, Haferkamp S, Hauschild A, et al. Deep neural networks are superior to dermatologists in melanoma image classification. *Eur J Cancer* 2019;119:11-7.
39. Kaseb AO, Sánchez NS, Sen S, Kelley RK, Tan B, Bocobo AG, et al. Molecular Profiling of Hepatocellular Carcinoma Using Circulating Cell-Free DNA. *Clin Cancer Res* 2019;25:6107-18.
40. Delen D, Walker G, Kadam A. Predicting breast cancer survivability: a comparison of three data mining methods. *Artif Intell Med* 2005;34:113-27.

41. Jović S, Miljković M, Ivanović M, Šaranović M, Arsić M. Prostate cancer probability prediction by machine learning technique. *Cancer Invest* 2017;35:647-51.
42. Lynch CM, Abdollahi B, Fuqua JD, Alexandra R, Bartholomai JA, Balgemann RN, et al. Prediction of lung cancer patient survival via supervised machine learning classification techniques. *Int J Med Inform* 2017;108:1-8.
43. Lu CF, Hsu FT, Hsieh KLC, Kao YCJ, Cheng SJ, Hsu JBK. Machine learning-based radionics for molecular subtyping of gliomas. *Clin Cancer Res* 2018;24:4429-36.
44. Mallavarapu T, Hao J, Kim Y, Oh JH, Kang M. Pathway-based deep clustering for molecular subtyping of cancer. *Methods* 2020;173:24-31.
45. Zhao M, Tang Y, Kim H, Hasegawa K. Machine learning with k-means dimensional reduction for predicting survival outcomes in patients with breast cancer. *Cancer Inform* 2018;17: 1176935118810215.
46. Azuaje F, Kim SY, Perez Hernandez D, Dittmar G. Connecting histopathology imaging and proteomics in kidney cancer through machine learning. *J Clin Med* 2019;8: 1535.
47. Li H, Siddiqui O, Zhang H, Guan Y. Cooperative learning improves protein abundance prediction in cancers. *BMC Biol* 2019;17:107.
48. Stemke-Hale K, Gonzalez-Angulo AM, Lluch A, Neve RM, Kuo WL, Davies M, et al. An integrative genomic and proteomic analysis of PIK3CA, PTEN, and AKT mutations in breast cancer. *Cancer Res* 2008;68:6084-91.
49. Nam H, Chung BC, Kim Y, Lee K, Lee D. Combining tissue transcriptomics and urine metabolomics for breast cancer biomarker identification. *Bioinformatics* 2009;25:3151-7.
50. Gao Q, Zhu H, Dong L, Shi W, Chen R, Song Z, et al. Integrated Proteogenomic Characterization of HBV-Related Hepatocellular Carcinoma. *Cell* 2019;179:561-577.e22.
51. Playford D, Bordin E, Talbot L, Mohamad R, Anderson B, Strange G. Analysis of aortic stenosis using artificial intelligence. *Heart Lung and Circulation* 2018;27:S216.
52. Narula S, Shameer K, Salem Omar AM, Dudley JT, Sengupta PP. Machine-Learning Algorithms to Automate Morphological and Functional Assessments in 2D Echocardiography. *J Am Coll Cardiol* 2016;68:2287-95.
53. Madani A, Arnaout R, Mofrad M, Arnaout R. Fast and accurate view classification of echocardiograms using deep learning. *NPJ Digit Med* 2018;1:6.
54. Ohta Y, Yunaga H, Kitao S, Fukuda T, Ogawa T. Detection and Classification of Myocardial Delayed Enhancement Patterns on MR Images with Deep Neural Networks: A Feasibility Study. *Radiol Artif Intell* 2019;1:e180061.
55. Tao Q, Yan W, Wang Y, Paiman EH, Shamonin DP, Garg P, et al. Deep Learning-based Method for Fully Automatic Quantification of Left Ventricle Function from Cine MR Images: A Multivendor, Multicenter Study. *Radiology* 2019;290:81-88.
56. Ngo TA, Lu Z, Carneiro G. Combining deep learning and level set for the automated segmentation of the heart's left ventricle from cardiac cine magnetic resonance. *Med Image Anal* 2017;35:159-71.
57. Kwon JM, Lee Y, Lee Y, Lee S, Park J. An algorithm based on deep learning for predicting in-hospital cardiac arrest. *J Am Heart Assoc* 2018;7: e008678.
58. Mortazavi BJ, Downing NS, Bucholz EM, Dharmarajan K, Manhapra A, Li SX, et al. Analysis of machine learning techniques for heart failure readmissions. *Circulation* 2016;9:629-40.
59. Alaa AM, Bolton T, Angelantonio E, Rudd JH, Schaar M. Cardiovascular disease risk prediction using automated machine learning: a prospective study of 423,604 UK Biobank participants. *PLoS ONE* 2019;14: e0213653.
60. Attia ZI, Kapa S, Lopez-Jimenez F, McKie PM, Ladewig DJ, Satam G, et al. Screening for cardiac contractile dysfunction using an artificial intelligence-enabled electrocardiogram. *Nat Med* 2019;25:70-74.
61. Eraslan G, Avsec Ž, Gagneur J, Theis FJ. Deep learning: new computational modelling techniques for genomics. *Nat Rev Genet* 2019;20:389-403.
62. Turner AW, Wong D, Khan MD, Dreisbach CN, Palmore M, Miller CL. Multi-omics approaches to study extended non-coding RNA function in atherosclerosis. *Front Cardiovasc Med* 2019;6:9.
63. Burghardt TP, Ajtai K. Neural/Bayes network predictor for inheritable cardiac disease pathogenicity and phenotype. *J Mol Cell Cardiol* 2018;119:19-27.
64. Cazacu IM, Udristoiu A, Gruionu LG, Iacob A, Gruionu G, Saftoiu A. Artificial intelligence in pancreatic cancer: Toward precision diagnosis. *Endoscopic Ultrasound* 2019;8:357.

65. Rotondano G, Cipolletta L, Grossi E, Koch M, Intraligi M, Buscema M, et al. Artificial neural networks accurately predict mortality in patients with nonvariceal upper GI bleeding. *Gastrointest Endoscop* 2011;73:218-26.
66. Sato F, Shimada Y, Selaru FM, Shibata D, Maeda M, Watanabe G, et al. Prediction of survival in patients with esophageal carcinoma using artificial neural networks. *Cancer: Interdisciplinary Int J Am Cancer Soc* 2005;103:1596-605.
67. Rustam F, Reshi AA, Mehmood A, Ullah S, On BW, Aslam W, et al. COVID-19 future forecasting using supervised machine learning models. *IEEE Access* 2020;8:101489-101499 .
68. Liu J, Xu H, Chen Q, Zhang T, Sheng W, Huang Q, et al. Prediction of hematoma expansion in spontaneous intracerebral haemorrhage using support vector machine. *EBioMedicine* 2019;43:454-59.
69. Çınarer G, Emiroğlu BG, Ed. Classification of Brain Tumors by Machine Learning Algorithms. 2019 3rd International Symposium on Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies (ISMSIT); 2019, 11-13 Oct.
70. Dritsas E, Trigka M. Supervised Machine Learning Models for Liver Disease Risk Prediction. *Computers* 2023;12:19.
71. Ahmed S, Choi KY, Lee JJ, Kim BC, Kwon GR, Lee KH, et al. Ensembles of patch-based classifiers for diagnosis of Alzheimer disease. *IEEE Access* 2019;7:73373 - 73383.
72. Kulkarni NN, Bairagi VK. Extracting salient features for EEG-based diagnosis of Alzheimer's disease using support vector machine classifier. *IETE J Res* 2017;63:11-22.
73. Hariharan M, Polat K, Sindhu R. A new hybrid intelligent system for accurate detection of Parkinson's disease. *Comput Methods Programs Biomed* 2014;113:904-13.
74. Kousarrizi MN, Seiti F, Teshnehlab M. An experimental comparative study on thyroid disease diagnosis based on feature subset selection and classification. *Int J Electr Comput Sci IJECS-IJENS*. 2012;12.
75. Kumar D, Jain N, Khurana A, Mittal S, Satapathy SC, Senkerik R, et al. Automatic detection of white blood cancer from bone marrow microscopic images using convolutional neural networks. *IEEE Access*. 2020;8:142521 - 142531.
76. Roth SC. What is genomic medicine? *Med Libr Assoc* 2019;107:442-8.
77. Ching T, Himmelstein DS, Beaulieu-Jones BK, Kalinin AA, Do BT, Way GP, et al. Opportunities and obstacles for deep learning in biology and medicine. *J R Soc Interface* 2018;15: 20170387.
78. Dias R, Torkamani A. Artificial intelligence in clinical and genomic diagnostics. *Genome Med* 2019;11:70.
79. Li H. Toward better understanding of artifacts in variant calling from high-coverage samples. *Bioinformatics* 2014;30:2843-51.
80. DePristo MA, Banks E, Poplin R, Garimella KV, Maguire JR, Hartl C, et al. A framework for variation discovery and genotyping using next-generation DNA sequencing data. *Nat Genet* 2011;43:491-8.
81. Garrison E, Marth G. Haplotype-based variant detection from short-read sequencing. *arXiv:1207.3907 [q-bio.GN]* 2012.
82. Hwang S, Kim E, Lee I, Marcotte EM. Systematic comparison of variant calling pipelines using gold standard personal exome variants. *Sci Rep* 2015;5:175-78.
83. Poplin R, Chang P-C, Alexander D, Schwartz S, Colthurst T, Ku A, et al. A universal SNP and small-indel variant caller using deep neural networks. *Nat Biotechnol* 2018;36:983-7.
84. Teng H, Cao MD, Hall MB, Duarte T, Wang S, Coin LJ. Chiron: translating nanopore raw signal directly into nucleotide sequence using deep learning. *GigaScience* 2018;7:giy037.
85. Chatterjee S, Ahituv N. Gene regulatory elements, major drivers of human disease. *Annu Rev Genomics Hum Genet* 2017;18:45-63.
86. Soemedi R, Cygan KJ, Rhine CL, Wang J, Bulacan C, Yang J, et al. Pathogenic variants that alter protein code often disrupt splicing. *Nat Genet* 2017;49:848-55.
87. Baeza-Centurion P, Miñana B, Schmiedel JM, Valcárcel J, Lehner B. Combinatorial genetics reveals a scaling law for the effects of mutations on splicing. *Cell* 2019;176:549-63.
88. Jaganathan K, Panagiotopoulou SK, McRae JF, Darbandi SF, Knowles D, Li YI, et al. Predicting splicing from primary sequence with deep learning. *Cell* 2019;176:535-48.

89. Telenti A, Pierce LC, Biggs WH, Di Iulio J, Wong EH, Fabani MM, et al. Deep sequencing of 10,000 human genomes. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2016;113:11901-6.
90. Tang H, Thomas PD. Tools for predicting the functional impact of nonsynonymous genetic variation. *Genetics* 2016;203:635-47.
91. Kircher M, Witten DM, Jain P, O'roak BJ, Cooper GM, Shendure J. A general framework for estimating the relative pathogenicity of human genetic variants. *Nat Genet* 2014;46:310-15.
92. Quang D, Chen Y, Xie X. DANN: a deep learning approach for annotating the pathogenicity of genetic variants. *Bioinformatics* 2014;31:761-3.
93. Paul D, Sanap G, Shenoy S, Kalyane D, Kalia K, Tekade RK. Artificial intelligence in drug discovery and development. *Drug Discov Today* 2021;26:80-93.
94. Gavas S, Quazi S, Karpiński TM. Nanoparticles for Cancer Therapy: Current Progress and Challenges. *Nanoscale Res Lett* 2021;16:173.
95. Leenay RT, Aghazadeh A, Hiatt J, Tse D, Roth TL, Apathy R, et al. Large dataset enables prediction of repair after CRISPR–Cas9 editing in primary T cells. *Nat Biotechnol* 2019;37:1034-7.
96. Shen MW, Arbab M, Hsu JY, Worstell D, Culbertson SJ, Krabbe O, et al. Predictable and precise template-free CRISPR editing of pathogenic variants. *Nature* 2018;563:646-51.
97. Koscielny G, An P, Carvalho-Silva D, Cham JA, Fumis L, Gasparyan R, et al. Open Targets: a platform for therapeutic target identification and validation. *Nucleic Acids Res* 2017;45:D985-94.
98. Pineda SS, Undheim EA, Rupasinghe DB, Ikonopoulou MP, King GF. Spider venomics: Implications for drug discovery. *Future Med Chem* 2014;6:1699-714.
99. Li M, Zhang H, Chen B, Wu Y, Guan L. Prediction of pKa values for neutral and basic drugs based on hybrid artificial intelligence methods. *Sci Rep* 2018;8:3991.
100. Amirinejad R, Shirvani-Farsani Z, Mohebbi S. The application of DNA-conjugated gold nanoparticles to detect metabolites and nucleic acids in personalized medicine. *Personalized Medicine Journal* 2021;6:23-5.
101. Lin M, Hu H, Zhou S, Xu S. Soft wearable devices for deep-tissue sensing. *Nature Reviews Materials* 2022;7:850-69.
102. Belknap R, Weis S, Brookens A, Au-Yeung KY, Moon G, DiCarlo L, et al. Feasibility of an ingestible sensor-based system for monitoring adherence to tuberculosis therapy. *PLoS One* 2013;8:e53373.
103. Zhang Y, Hu Y, Jiang N, Yetisen AK. Wearable artificial intelligence biosensor networks. *Biosens Bioelectron* 2023;219:114825.
104. Bender A, Cortés-Ciriano I. Artificial intelligence in drug discovery: what is realistic, what are illusions? Part 1: Ways to make an impact, and why we are not there yet. *Drug Discov Today* 2021;26:511-24.
105. Vourvopoulos A, Niforatos E, Giannakos MN. EEGlass: an EEG-eyeware prototype for ubiquitous brain-computer interaction. *Adjunct Proceedings of the 2019 ACM International Joint Conference on Pervasive and Ubiquitous Computing and Proceedings of the 2019 ACM International Symposium on Wearable Computers*; 2019.
106. Nittala AS, Steimle J. Next Steps in Epidermal Computing: Opportunities and Challenges for Soft On-Skin Devices. *Proceedings of the 2022 CHI Conference on Human Factors in Computing Systems*; New Orleans, LA, USA: Association for Computing Machinery; 2022.
107. Wang Y, Yin L, Bai Y, Liu S, Wang L, Zhou Y, et al. Electrically compensated, tattoo-like electrodes for epidermal electrophysiology at scale. *Sci Adv* 2020;6:eabd0996.
108. Bandodkar AJ, Gutruf P, Choi J, Lee K, Sekine Y, Reeder JT, et al. Battery-free, skin-interfaced microfluidic/electronic systems for simultaneous electrochemical, colorimetric, and volumetric analysis of sweat. *Sci Adv* 2019;5:eaav3294.
109. Nittala AS, Karrenbauer A, Khan A, Kraus T, Steimle J. Computational design and optimization of electrophysiological sensors. *Nat Commun* 2021;12:6351.
110. Dashtipour H, nouras A, daneshjou s ,mohebbi S, mousaviniri N. Recent progress in (nano) biosensors: artificial intelligence (AI) application. *Modares Journal of Biotechnology* 2023;13:55-72 .
111. Alfian G, Syafrudin M, Ijaz MF, Syaekhoni MA, Fitriyani NL, Rhee J. A personalized healthcare monitoring system for diabetic patients by utilizing BLE-based sensors and real-time data processing. *Sensors* 2018;18:2183.

112. Jeong H, Lee JY, Lee K, Kang YJ, Kim J-T, Avila R, et al. Differential cardiopulmonary monitoring system for artifact-canceled physiological tracking of athletes, workers, and COVID-19 patients. *Sci Adv* 2021;7:eabg3092.
113. Yu Y, Nassar J, Xu C, Min J, Yang Y, Dai A, et al. Biofuel-powered soft electronic skin with multiplexed and wireless sensing for human-machine interfaces. *Sci Robot* 2020;5:eaz7946.
114. Tucker A, Wang Z, Rotalinti Y, Myles P. Generating high-fidelity synthetic patient data for assessing machine learning healthcare software. *NPJ Digit Med* 2020;3:1-13.
115. Farrokhi M, Moeini A, Taheri F, Farrokhi M, Mostafavi M, Khodaei Ardakan A, et al, Eds. *Artificial Intelligence in Cancer Care: From Diagnosis to Prevention and Beyond*. USA: Kindle; 2023.
116. Farrokhi M, Taheri F, Moeini A, Farrokhi M, Jafar Khouzani P, Ghadirzadeh E, et al, Eds. *Artificial Intelligence for Drug Development, Personalized Prescriptions, and Adverse Event Prediction*. USA: Kindle; 2024. P.1-180.
117. Ghanbari M, Mohebi S, Arabzadeh S. The use of artificial intelligence in the diagnosis of lung diseases. *Nafas* 2024;11.