



ریاست جمهوری
معاونت علمی، فناوری و اقتصاد دانش بنیان

هوش مصنوعی در خط مقدم مبارزه با مقاومت آنتی بیوتیکی

منبع: سایت Tulane University | نویسنده: اندرو یاون



TULANE
UNIVERSITY



خلاصه مطلب

عفونت‌های مقاوم به دارو، به‌ویژه سل و استاف، بحرانی جهانی هستند که درمان را دشوار و مرگ‌ومیر را افزایش می‌دهند. محققان دانشگاه تولین با توسعه یک مدل هوش مصنوعی نوین به نام "مدل تداعی گروهی" (GAM)، راهکاری دقیق‌تر برای تشخیص مقاومت آنتی بیوتیکی یافته‌اند.

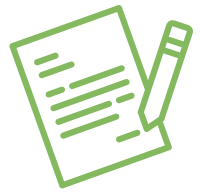
این مدل با استفاده از یادگیری ماشین و تحلیل کل ژنوم باکتری، جهش‌های ژنتیکی مرتبط با مقاومت را بدون نیاز به دانش قبلی شناسایی می‌کند و بر محدودیت‌های روش‌های فعلی غلبه می‌کند.

مدل GAM در آزمایش روی هزاران سویه باکتری، دقتی برابر یا بهتر از استانداردهای سازمان بهداشت جهانی نشان داده و به‌طور چشمگیری موارد مثبت کاذب را کاهش داده است، که منجر به انتخاب درمان مؤثرتر می‌شود.

این روش که با یادگیری ماشین تقویت شده، در نمونه‌های بالینی نیز موفق عمل کرده و پتانسیل کاربرد در تشخیص مقاومت سایر باکتری‌ها و حتی در کشاورزی را دارد.



برای مشاهده متن اسکن کنید

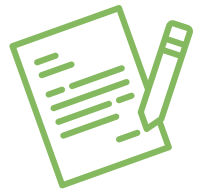


متن کامل

پژوهشگران دانشگاه تولین از هوش مصنوعی برای بهبود تشخیص عفونت‌های مقاوم به دارو استفاده می‌کنند. عفونت‌های مقاوم به دارو (به‌ویژه عفونت‌های ناشی از باکتری‌های کشنده‌ای مانند سل (Tuberculosis) و استافیلوکوکوس اورئوس (Staphylococcus aureus) به بحرانی فزاینده در سلامت جهانی تبدیل شده‌اند. این عفونت‌ها درمان‌پذیری کمتری دارند، اغلب نیازمند داروهایی پرهزینه‌تر یا سمی‌تر هستند و موجب بستری‌های طولانی‌تر در بیمارستان و نرخ مرگ‌ومیر بالاتر می‌شوند. تنها در سال ۲۰۲۱، بنا بر اعلام سازمان جهانی بهداشت (WHO)، حدود ۴۵۰,۰۰۰ نفر به سل مقاوم به چند دارو (Multidrug-resistant Tuberculosis) مبتلا شدند، در حالی که نرخ موفقیت درمان به تنها ۵۷٪ کاهش یافت.

اکنون، دانشمندان دانشگاه تولین (Tulane University) روش جدیدی مبتنی بر هوش مصنوعی (Artificial Intelligence) توسعه داده‌اند که با دقت بیشتری نشانگرهای ژنتیکی مقاومت آنتی بیوتیکی (Genetic Markers of Antibiotic Resistance) را در باکتری‌های Mycobacterium tuberculosis و Staphylococcus aureus شناسایی می‌کند؛ امری که می‌تواند به درمان‌هایی سریع‌تر و مؤثرتر منجر شود.

مطالعه‌ای که توسط تیم دانشگاه تولین انجام شده و در مجله علمی Nature Communications منتشر شده است، یک مدل انجمنی گروهی (Group Association Model یا GAM) جدید معرفی می‌کند که از یادگیری ماشین (Machine Learning) برای شناسایی جهش‌های ژنتیکی مرتبط با مقاومت دارویی استفاده می‌کند. برخلاف ابزارهای سنتی که ممکن است به اشتباه جهش‌های نامرتبط را



به مقاومت نسبت دهند، GAM به اطلاعات پیشین درباره مکانیزم‌های مقاومت وابسته نیست، که آن را به ابزاری منعطف‌تر تبدیل کرده و امکان شناسایی تغییرات ژنتیکی ناشناخته را نیز فراهم می‌سازد.

دکتر تونی هو (Tony Hu, PhD) می‌گوید: «می‌توان آن را مانند استفاده از اثر انگشت کامل ژنتیکی باکتری برای کشف دلایلی دانست که آن را نسبت به برخی آنتی بیوتیک‌ها مقاوم می‌سازد.»

روش‌های فعلی تشخیص مقاومت که توسط سازمان‌هایی مانند WHO استفاده می‌شوند، یا بسیار زمان‌بر هستند (مانند آزمایش‌های مبتنی بر کشت (Culture-based Testing) یا قادر به شناسایی جهش‌های نادر نیستند، همان‌گونه که برخی آزمایش‌های مبتنی بر DNA این ضعف را دارند. مدل تولین هر دو مشکل را با تحلیل توالی کامل ژنوم (Whole Genome Sequencing) و مقایسه گروه‌هایی از سویه‌های باکتریایی با الگوهای مقاومت متفاوت حل می‌کند تا تغییرات ژنتیکی‌ای را بیابد که به طور قابل اطمینان نشان‌دهنده مقاومت نسبت به داروهای خاص هستند.

دکتر تونی هو، استاد کرسی ریاست جمهوری در نوآوری زیست فناوری و مدیر مرکز تشخیص سلولی و مولکولی دانشگاه تولین می‌گوید: «ما اساساً در حال آموزش دادن به یک رایانه هستیم تا الگوهای مقاومت را بدون نیاز به نشان دادن مستقیم آن‌ها از سوی ما شناسایی کند.»

در این مطالعه، پژوهشگران مدل GAM را بر روی بیش از ۷,۰۰۰ سویه از باکتری M. tuberculosis و نزدیک به ۴,۰۰۰ سویه از S. aureus به کار گرفتند و جهش‌های کلیدی مرتبط با مقاومت را شناسایی کردند. آن‌ها دریافتند که GAM نه تنها دقتی برابر یا بالاتر از پایگاه داده مقاومت WHO دارد، بلکه



میزان خطاهای مثبت کاذب (False Positives) یعنی نشانگرهای نادرست مقاومت را به شدت کاهش می‌دهد؛ مسأله‌ای که می‌تواند به تجویز درمان‌های نامناسب منجر شود.

جولیان سلیبا (Julian Saliba)، نویسنده اصلی مقاله و دانشجوی تحصیلات تکمیلی در مرکز تشخیص سلولی و مولکولی دانشگاه تولین می‌گوید: «آزمایش‌های ژنتیکی کنونی ممکن است به اشتباه باکتری‌ها را مقاوم طبقه‌بندی کنند و این موضوع بر کیفیت مراقبت از بیمار اثر منفی دارد.» توانایی پیش‌بینی مقاومت با داده‌های محدود یا ناقص، زمانی که با یادگیری ماشین ترکیب شود، بهبود می‌یابد. در مطالعات اعتبارسنجی (Validation Studies) با استفاده از نمونه‌های بالینی از چین، مدل تقویت‌شده با یادگیری ماشین در پیش‌بینی مقاومت نسبت به آنتی‌بیوتیک‌های خط اول، عملکرد بهتری نسبت به روش‌های مبتنی بر WHO داشت.

این موضوع اهمیت زیادی دارد، زیرا شناسایی زودهنگام مقاومت می‌تواند به پزشکان کمک کند تا قبل از پیشرفت یا گسترش عفونت، رژیم درمانی مناسب را طراحی و اجرا کنند.

توانایی مدل برای شناسایی مقاومت بدون نیاز به قوانین تعریف‌شده از سوی متخصصان، بدین معناست که این فناوری می‌تواند در آینده برای سایر باکتری‌ها یا حتی در کشاورزی (جایی که مقاومت آنتی‌بیوتیکی در گیاهان نیز یک نگرانی مهم است) مورد استفاده قرار گیرد.

جولیان سلیبا می‌گوید: «ضروری است که از عفونت‌های مقاوم به دارو که همواره در حال تکامل هستند، جلوتر بمانیم. این ابزار می‌تواند به ما در این مسیر کمک کند.»