



نشریه علمی، فرهنگی، دانشجویی

نیک آتما

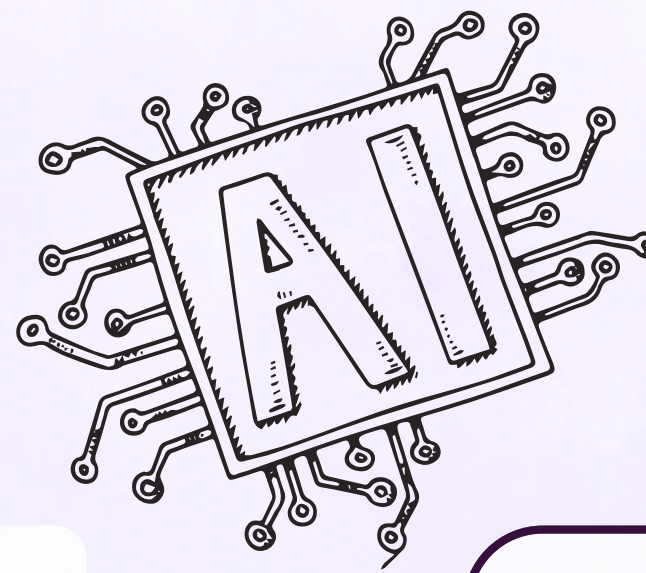


فصلنامه دوم - تابستان ۱۴۰۴

آنچه در این شماره می‌خوانید :

- هوش مصنوعی در تشخیص سرطان
- اهمیت کنترل کیفی استخراج DNA
- گفت‌وگو با همراهان علم و اندیشه

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



سخن سردبیر

باسمه تعالی

«وَقُلْ رَبِّ زِدْنِي عِلْمًا» (سوره طه، آیه ۱۱۴)

تابستان، فصل گرما و شکوفایی، با همه زیبایی‌هایش گذشت و اکنون در آستانه فصل پاییز، با دومین شماره از نشریه در خدمتتان هستیم. این تاخیر کوچک، فرصتی بود برای گردآوری مطالب ارزشمندتر و ارائه اثری غنی‌تر که امیدواریم سزاوار انتظارتان باشد.

در این شماره، به قلب یکی از انقلابی‌ترین عرصه‌های علم پزشکی، یعنی «کدگشایی سرطان» می‌رویم. از نقش بی‌بدیل تحلیل ژنتیکی در تشخیص و شخصی‌سازی درمان‌ها گفتیم تا کاربرد شگفت‌انگیز الگوریتم‌های هوش مصنوعی در پیش‌بینی و بهبود روند درمان. این فناوری‌ها، دریچه‌ای به سوی آینده‌ای روشن در نبرد با بیماری‌های پیچیده گشوده‌اند.

در کنار این مباحث پیشرفته، به یکی از ارکان اساسی و گاه مغفول در آزمایشگاه‌ها، یعنی «کنترل کیفیت استخراج DNA» پرداختیم. پایه‌ای که هرگونه سهل‌انگاری در آن، می‌تواند تمامی نتایج پیشرفته‌ترین آزمایش‌ها را تحت الشعاع قرار دهد.

ما در نیک‌آزما بر این باوریم که علم، زمانی به شکوفایی می‌رسد که دانش روز با دقت و ظرافت عمل در آزمایشگاه‌ها درآمیزد. آنچه در این شماره می‌خوانید، نه تنها مروری بر آخرین دستاوردهای علمی است، بلکه تلاشی است برای نشان دادن این هماهنگی ضروری.

در پایان، قدردان اعتماد و همراهی شما هستیم. ما را با نظرات و پیشنهادهای ارزشمندتان در این مسیر یاری کنید تا بتوانیم همواره اثری شایسته در عرصه دانش و فرهنگ علوم آزمایشگاهی ارائه دهیم. با آرزوی روزهایی سرشار از سلامت و دانایی.

سیدمحمدرضا عمادی | سردبیر نشریه

شناسنامه

نشریه علمی فرهنگی دانشجویی نیک‌آزما

تابستان ۱۴۰۴

شماره دوم

دانشگاه علوم پزشکی ایران شهر

صاحب امتیاز:

شهدخت عباسی‌نیا

مدیر مسئول نشریه:

سیدمحمدرضا عمادی

سردبیر نشریه:

نسیم بیگی

ویراستار:

سیدمحمدرضا عمادی

طراح جلد:

سیدمحمدصادق موسوی

طراح و صفحه‌آرا:

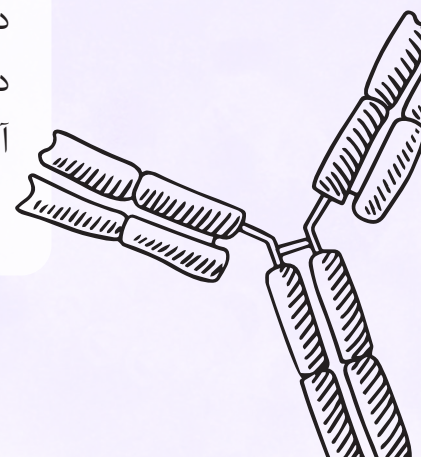
شهدخت عباسی‌نیا،

هیأت تحریریه:

آصفه کردی کوشه، احمدرضا حسینی

دکتر نعیم احتشام، استاد عبدالباست مزارزئی

اساتید راهنما:



فهرست مطالب

۶

کد گشایی سرطان؛ از تحلیل ژنتیکی تا الگوریتم‌های تشخیصی

۸

جهش‌های ژنی و دگرگونی‌های درمانی: تحلیل نوین در شناخت سرطان‌ها

۱۳

نقش الگوریتم‌های یادگیری ماشین در بهبود درمان‌ها

۱۶

هوش مصنوعی و انقلابی در تشخیص و پیش‌بینی سرطان‌ها

۲۴

کنترل کیفیت استخراج DNA: راهی برای دقت در تشخیص سرطان

۲۸

گفت و گو با همراهان علم و اندیشه



جهت مشاهده رفرنس مطالب و دسترسی به شماره‌های قبلی نشریه، اسکن کنید.



سخن مدیر مسئول

همراهان گرامی!

در دنیای امروز، به‌روز بودن نه یک انتخاب، بلکه ضرورت پیشرفت فردی و حرفه‌ای است.

جهان با سرعتی شگفت‌آور در حال تحول است و ابزارهای نوین، به ویژه هوش مصنوعی، در دسترس ما قرار گرفته‌اند تا بهره‌وری، خلاقیت و سرعت تصمیم‌گیری‌مان را ارتقا بدهیم.

با این حال، این پیشرفت‌ها هرگز نمی‌تواند جایگزین قدرت تفکر و استقلال ذهنی ما شوند. هوش مصنوعی یک ابزار است نه جایگزینی برای خلاقیت، تحلیل و تصمیم‌گیری انسانی ارزش واقعی در توانایی ماست که از این فناوری‌ها به صورت هوشمندانه و بهینه استفاده کنیم، بی‌آنکه وابسته شویم و استقلال فکریمان را از دست بدهیم.

نشریه ما، با همین رویکرد، تلاش می‌کند پلی باشد میان اطلاعات روز، فناوری نوین و خلاقیت انسانی، جایی که خواننده نه‌تنها از آخرین دستاوردهای روز آگاه می‌شود، بلکه با ذهنی پویا و مستقل، توانایی تحلیل و استفاده بهینه از این دانش را پیدا می‌کند.

با احترام، شهدخت عباسی‌نیا | مدیر مسئول نشریه

کدگشایی سرطان: از تحلیل ژنتیکی تا الگوریتم‌های تشخیصی در آزمایشگاه

تحلیل ژنتیکی همچون نوری درخشان در افق علم پزشکی است که مسیر درمان سرطان‌ها را به‌طرز شگرفی دگرگون کرده است. با بهره‌گیری از فناوری‌های پیشرفته‌ای چون توالی‌یابی نسل جدید یا نسل بعد (NGS)^۱ ما توانسته‌ایم مرزهای تشخیص را درنوردیم و به دنیای تازه‌ای از درمان‌های دقیق و هدفمند وارد شویم. این پیشرفت‌ها نه تنها شعله امید را در دل بیماران روشن کرده، بلکه افق‌هایی نو و پر از امکان برای درمان سرطان‌های پیچیده و مقاوم گشوده است. در این دنیای تازه، درمان‌ها اکنون متناسب با ویژگی‌های منحصر به فرد هر بیمار طراحی می‌شوند، به‌گونه‌ای که هر فرد می‌تواند در مسیری خاص و منحصربه‌فرد به سوی بهبودی گام بردارد.

در چند دهه اخیر، تحلیل ژنتیکی به‌عنوان یکی از ارکان اصلی در تشخیص و درمان سرطان‌ها تبدیل شده است. سرطان‌ها ویژگی‌های ژنتیکی متنوعی دارند که این تنوع پیچیدگی‌های زیادی در روند درمان و پیش‌بینی

پاسخ به درمان‌ها به‌وجود می‌آورد. به‌ویژه مارکرهای بیولوژیکی سنتی، به‌دلیل محدودیت‌هایشان در دقت شناسایی تغییرات مولکولی در تومورها، اغلب قادر به پیش‌بینی یا مدیریت مؤثر سرطان‌های پیچیده نیستند. با پیشرفت‌های چشمگیر علمی در زمینه تحلیل ژنتیکی، این امکان فراهم آمده که به‌طور عمیق‌تری به ویژگی‌های مولکولی و ژنتیکی تومورها پی ببریم. این تحول علمی موجب دگرگونی‌های اساسی در شیوه‌های درمانی، به‌ویژه در مواردی مانند سرطان‌های مقاوم و پیچیده، شده است. در سال‌های اخیر، استفاده از تکنولوژی‌های نوین همچون NGS و دیگر رویکردهای مبتنی بر ژنوم، تغییرات عمده‌ای در شناسایی انواع سرطان‌ها ایجاد کرده است. این تکنیک‌ها با بررسی جهش‌های خاص ژنی، تغییرات در مسیرهای سیگنال‌دهی، شناسایی دقیق‌تری از تومورها ارائه داده‌اند و به تشخیص‌های به‌مراتب دقیق‌تر و انتخاب درمان‌های بهینه برای بیماران که به درمان‌های سنتی پاسخ نمی‌دهند، کمک کرده‌اند.

۱. Next-generation sequencing

این روش‌های پیشرفته، با بهبود دقت در تشخیص و دسته‌بندی انواع مختلف سرطان‌ها، به‌ویژه در سرطان‌های مقاوم، مسیرهای درمانی و پیش‌بینی پاسخ به درمان‌ها را متحول کرده‌اند. با این حال، علی‌رغم این پیشرفت‌ها، چالش‌های زیادی در به‌کارگیری این روش‌ها در محیط بالینی وجود دارد. یکی از بزرگ‌ترین این چالش‌ها، نیاز به توسعه الگوریتم‌های پیچیده‌تر و دقیق‌تر برای پیش‌بینی واکنش به درمان‌ها و شناسایی الگوهای ژنتیکی مؤثر در سرطان‌های مقاوم، به‌ویژه سرطان پستان سه گانه منفی که به دلیل عدم وجود پروتئین HER2 و گیرنده‌های استروژن و پروژسترون پیش‌آگهی بدی دارد، است. در این راستا، استفاده از داده‌های ژنتیکی همراه با ابزارهای پیشرفته یادگیری ماشین (ML)^۲ می‌تواند به

پیش‌بینی بهتر نتایج درمانی و تصمیم‌گیری‌های شخصی‌سازی‌شده کمک کند.

این شماره از مجله علمی-فرهنگی نیک‌آزما به تحلیل ژنتیکی به‌عنوان ابزاری قدرتمند در تشخیص سرطان‌ها پرداخته و به نقش آن در الگوریتم‌های تشخیصی نوین اشاره دارد. همچنین، چالش‌ها و فرصت‌های نوین در بهره‌برداری از داده‌های ژنتیکی و استفاده از تکنولوژی‌های یادگیری ماشین برای ارتقاء دقت تشخیص و پیش‌بینی پاسخ به درمان‌ها بررسی می‌شود. این پیشرفت‌ها، با تقویت قابلیت‌های تشخیصی و درمانی، قادر خواهند بود کیفیت درمان‌های فردی را ارتقاء داده و شانس موفقیت درمانی را در بیماران مبتلا به انواع سرطان‌ها افزایش دهند.

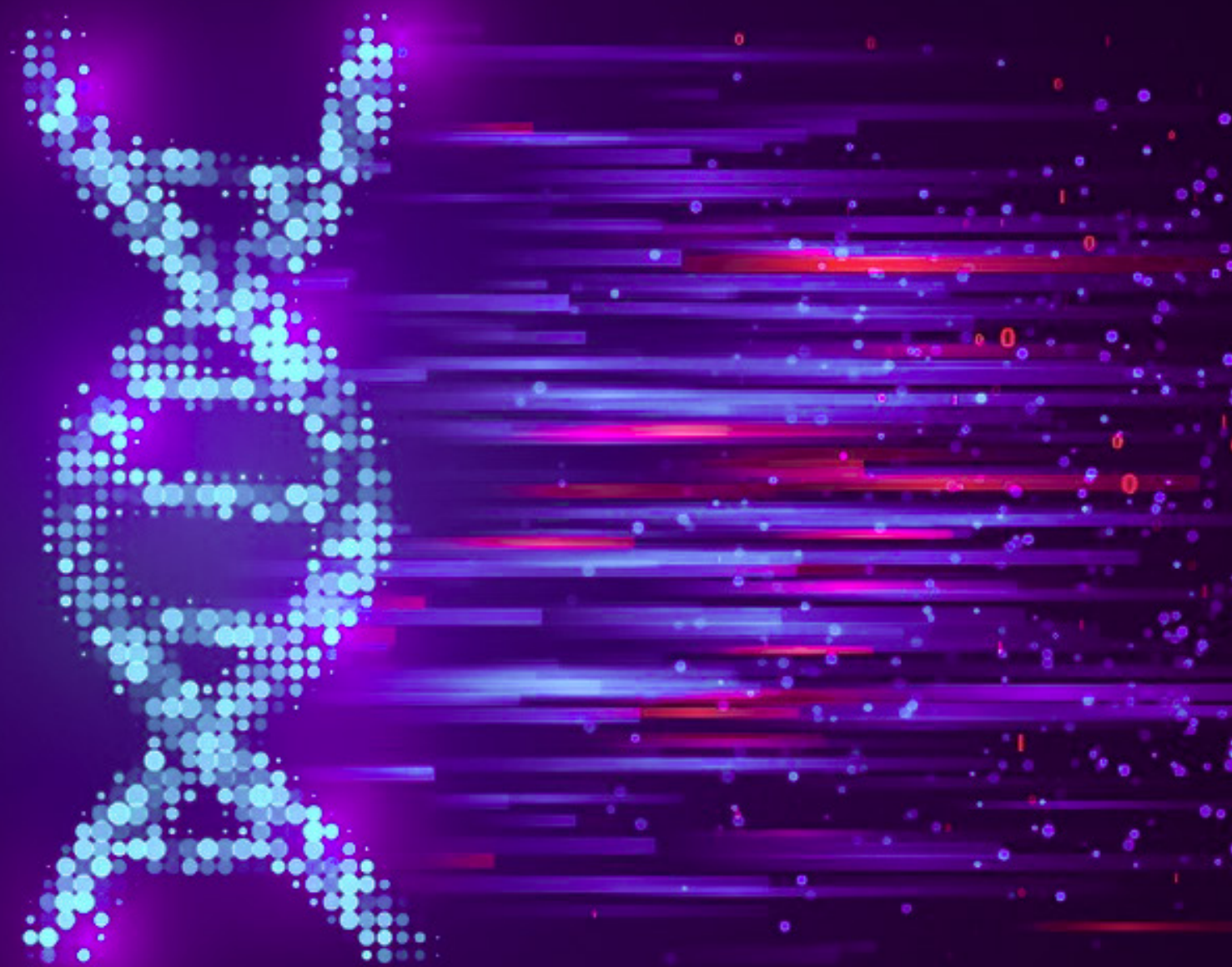
۲. Machine learning

جهش‌های ژنی و دگرگونی‌های درمانی: تحلیل نوین در شناخت و درمان سرطان‌ها

تحلیل ژنتیکی به‌عنوان ابزاری اساسی در شناسایی و درک مکانیسم‌های مولکولی بروز سرطان‌ها مورد توجه قرار گرفته است. سرطان‌ها به‌طور طبیعی دارای ویژگی‌های ژنتیکی خاصی هستند که بر اساس آن‌ها می‌توانند به دسته‌های مختلف تقسیم‌بندی شوند. این ویژگی‌ها شامل جهش‌های ژنی هستند که در فرآیندهای زیستی مهمی چون رشد سلولی، زنده ماندن و گسترش سلول‌های سرطانی نقش دارند و تأثیر مستقیمی بر تشخیص و درمان سرطان می‌گذارند. جهش‌ها ممکن است در ژن‌های موسوم به انکوژن‌ها^۱ و ژن‌های سرکوبگر تومور^۲ رخ دهند و تغییرات فیزیولوژیکی ایجاد کنند که باعث ایجاد و پیشرفت بیماری می‌شود.

برای درک بهتر: تصور کنید که سلول‌های بدن مانند یک تیم فوتبال هستند. انکوژن‌ها مانند بازیکنان مهاجم هستند که تلاش می‌کنند به جلو حرکت کنند و سریع‌تر رشد کنند. در مقابل، ژن‌های سرکوبگر تومور مانند مدافعانی هستند که سعی دارند جلوی حرکت این مهاجمان را بگیرند و از گسترش سرطان جلوگیری کنند. حالا، اگر مدافع‌ها (ژن‌های سرکوبگر) ضعیف یا آسیب‌دیده باشند، مهاجمان (انکوژن‌ها) می‌توانند بدون هیچ مقاومتی پیش بروند و سلول‌ها را گسترش دهند.

مطالعات اخیر نشان داده است که جهش‌های خاص در ژن‌هایی چون KRAS، TP53، PIK3CA و PTEN نقش کلیدی در پیشرفت سرطان‌ها دارند. این جهش‌ها به‌ویژه در سرطان‌های ریه و پانکراس شایع هستند و شناسایی آن‌ها می‌تواند به پزشکان کمک کند تا سرطان‌های مقاوم به درمان را بهتر شناسایی و مدیریت کنند. برای مثال، در سرطان ریه، جهش در ژن KRAS می‌تواند موجب رشد سریع‌تر تومور شود و شناسایی این جهش می‌تواند به پزشکان کمک کند تا درمان‌هایی را انتخاب کنند که مخصوصاً برای مقابله با این نوع سرطان مؤثرتر باشند. تحلیل دقیق این جهش‌ها می‌تواند به شخصی‌سازی درمان‌ها و پیش‌بینی دقیق‌تر پاسخ به درمان‌های مختلف کمک کند. به این ترتیب، پزشکان می‌توانند درمان‌هایی را که بیشترین شانس موفقیت را دارند برای هر بیمار تجویز کنند، مانند اینکه تیم فوتبال بهترین استراتژی را برای بازی خاص خود انتخاب کند.



۳. DNA microarray

۱. Oncogenes

۲. Tumor Suppressor Genes

روش‌های تحلیل ژنتیکی:

برای تحلیل دقیق جهش‌های ژنی، روش‌های پیشرفته‌ای چون NGS و تحلیل ریزآرایه‌های DNA^۱ به‌طور گسترده در تحقیقات علمی و کاربردهای بالینی استفاده می‌شوند.

برای درک بهتر: تصور کنید که شما در حال جست‌وجو در یک کتابخانه بسیار بزرگ و پیچیده هستید که هر صفحه آن اطلاعات مربوط به ژن‌های مختلف بدن است. توالی‌یابی NGS دقیقاً مانند یک دستگاه پیشرفته است که می‌تواند کتابخانه را به سرعت خوانده و تمام صفحات مهم را پیدا کند. این روش به محققان این امکان را می‌دهد که اطلاعات ژنتیکی دقیق‌تری از تومورها استخراج کنند و انواع مختلف جهش‌ها را شناسایی نمایند.

یکی از ویژگی‌های منحصر به فرد NGS این است که قادر است حتی نادرترین جهش‌ها و تغییرات ژنتیکی ناشناخته‌ای را که ممکن است در انواع مختلف سرطان‌ها وجود داشته باشند و در روش‌های معمول شناسایی نمی‌شوند را شناسایی کند. این روش به‌ویژه در شناسایی جهش‌های نادر و آسیب‌های ژنتیکی ناشناخته که در انواع مختلف سرطان‌ها وجود دارند، بسیار مؤثر است. به‌طور مثال، ممکن است در یک بیمار با سرطان ریه، جهشی در ژن خاصی وجود داشته باشد که شبیه هیچ‌کدام از جهش‌های شناخته‌شده نباشد. با استفاده از NGS، محققان می‌توانند به این جهش جدید پی ببرند و به‌طور خاص درمان‌هایی طراحی کنند که این جهش را هدف قرار دهند. NGS همچنین می‌تواند به شناسایی جهش‌های بالقوه در ژن‌های ناشناخته کمک کند که بر درمان سرطان تأثیرگذار هستند. در این روش، ژن‌های مختلف بدن بررسی می‌شوند تا مشخص شود کدامیک در پیشرفت سرطان نقش دارند. این شناسایی دقیق‌تر می‌تواند در انتخاب درمان‌های شخصی‌سازی‌شده و مؤثر برای بیماران کمک شایانی نماید.

۱. DNA microarray

جهش‌های ژنی و بروز سرطان:

تحقیقات اخیر در زمینه بیولوژی مولکولی نشان داده‌اند که جهش‌های ژنی در مسیرهای سیگنال‌دهی مختلف مانند RAS-RAF-MEK-ERK و PI3K/Akt/PTEN/mTOR می‌توانند باعث بروز سرطان‌ها شوند. این مسیرها که به‌عنوان راه‌های سیگنال‌دهی درون‌سلولی شناخته می‌شوند، مسئول بسیاری از فرآیندهای حیاتی از جمله رشد غیرقابل کنترل سلول‌ها، فرار از مرگ سلولی برنامه‌ریزی‌شده (apoptosis) و توسعه تومورها هستند.

برای درک بهتر: تصور کنید که این مسیرهای سیگنال‌دهی مانند سیستم‌های کنترل ترافیک در یک شهر بزرگ هستند. این سیستم‌ها باید مسیر حرکت خودروها را به‌طور دقیق و کارآمد هدایت کنند تا ترافیک به‌خوبی جریان یابد. حالا اگر سیگنال‌های این سیستم به اشتباه عمل کنند و مسیرها به‌طور غیرعادی باز شوند، ترافیک (یعنی سلول‌ها) به‌طور بی‌رویه افزایش می‌یابد و به شلوغی یا همان رشد تومور منجر می‌شود. به‌طور ویژه‌ای، جهش‌هایی در ژن‌هایی همچون KRAS که در سرطان‌های ریه و پانکراس شایع هستند، می‌توانند باعث تحریک مسیرهای سیگنال‌دهی شوند که به‌طور غیرعادی به تکثیر سلول‌های سرطانی کمک می‌کنند.

• **RAS-RAF-MEK-ERK:** این مسیر به‌طور مستقیم در تنظیم رشد و تقسیم سلولی نقش دارد. جهش در پروتئین‌های این مسیر می‌تواند منجر به رشد غیرقابل کنترل سلول‌ها و در نتیجه تشکیل تومور شود. برای مثال، جهش‌های در ژن KRAS می‌توانند این مسیر را به‌طور غیرطبیعی فعال کرده و موجب سرطان‌های ریه و پانکراس شوند.

• **PI3K/Akt/PTEN/mTOR:** این مسیر به تنظیم متابولیسم سلولی، رشد سلول و بقاء سلول‌ها کمک می‌کند. جهش در این مسیرها می‌تواند باعث افزایش بقاء سلول‌های سرطانی و مقاومت آن‌ها به درمان‌ها شود.

نقش الگوریتم‌های یادگیری ماشین در بهبود درمان‌ها:

این الگوریتم‌ها به پزشکان این امکان را می‌دهند که به‌جای صرف وقت و انرژی برای آزمایش درمان‌های مختلف، سریع‌تر و دقیق‌تر درمان‌های مناسب را انتخاب کنند. این فرایند مشابه با استفاده از یک نقشه‌بردار ماهر است که دقیقاً می‌داند کدام جاده‌ها برای رسیدن به مقصد مطلوب بهتر هستند.

در نهایت، این الگوریتم‌های ژنتیکی به پزشکان کمک می‌کنند تا درمان‌هایی دقیق‌تر و شخصی‌تر برای هر بیمار پیدا کنند و این تکنولوژی جدید می‌تواند نحوه درمان سرطان پستان سه‌گانه منفی را به‌طور اساسی تغییر دهد. این امر نه تنها شانس بهبودی بیماران را افزایش می‌دهد، بلکه کمک می‌کند تا بیماران دوباره به زندگی طبیعی خود بازگردند.

کنند و به‌این ترتیب اثربخشی درمان‌ها را به‌طور قابل‌توجهی افزایش دهند.

به‌عنوان مثال، در سرطان پستان سه‌گانه منفی، که به‌دلیل جهش‌های پیچیده در ژن‌های خاص مانند BRCA1 و BRCA2 شناخته می‌شود، درمان‌های استاندارد معمولاً نتایج ضعیفی دارند. اما با استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین، پزشکان می‌توانند نوع جهش‌های موجود در سلول‌های توموری بیمار را شناسایی کرده و درمان‌هایی را که احتمال موفقیت بالاتری دارند، انتخاب کنند. این تکنولوژی نه تنها به پزشکان کمک می‌کند تا به‌طور مؤثرتری مسیر درمان را تعیین کنند، بلکه از مصرف داروهایی که ممکن است اثری نداشته باشند، جلوگیری کرده و هزینه‌های درمان را کاهش می‌دهد.

با توجه به پیچیدگی‌های این مسیرها، استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین به‌عنوان ابزاری تحلیلی قدرتمند به‌شدت در حال گسترش است. این الگوریتم‌ها با تحلیل داده‌های ژنتیکی و ترکیب آن‌ها با اطلاعات بالینی، می‌توانند الگوهای جهشی را شناسایی کرده و پیش‌بینی دقیقی از موفقیت درمان‌ها، به‌ویژه در سرطان‌های مقاوم به درمان، ارائه دهند.

الگوریتم‌های یادگیری ماشین در واقع همانند یک دستیار هوشمند برای پزشکان عمل می‌کنند. آن‌ها می‌توانند به‌طور خودکار داده‌های پیچیده را تجزیه و تحلیل کرده و پیش‌بینی‌هایی دقیق درباره اثربخشی درمان‌ها برای هر بیمار انجام دهند. به‌این ترتیب، پزشکان می‌توانند درمان‌های شخصی‌سازی‌شده و کارآمدتری را برای بیماران انتخاب

یک معجزه جدید در علم: چطور هوش مصنوعی «Delphi» می‌تونه ریسک ابتلا به بیش از ۱۰۰۰ بیماری رو پیش‌بینی کنه؟

تصور کنید که شما به دکتر میرید و به جای اینکه فقط به علائم فعلی‌تون نگاه کنه، اون می‌تونه دقیقاً به شما بگه که آیا احتمال داره در آینده به بیماری‌هایی مثل سرطان یا دیابت مبتلا بشید یا نه. این چیزی نیست جز پیشرفت‌های فوق‌العاده‌ای که با استفاده از ابزار هوش مصنوعی «Delphi-2M» در حال تحقق هست. این ابزار جدید که مثل یک پیشگوی علمی عمل می‌کنه، می‌تونه با تحلیل داده‌های پزشکی شما، سبک زندگی‌تون و ویژگی‌های جمعیتی‌تون، پیش‌بینی‌هایی مثل پیش‌بینی وضعیت آب‌وهوا ارائه بده.

حالا تصور کنید که به‌جای درمان‌های تصادفی و طولانی‌مدت، دکتر شما از این ابزار استفاده کنه تا دقیقاً بدون به‌کودم بیماری‌ها ممکنه در آینده گریبان‌گیر شما بشه. به این ترتیب، پزشک می‌تونه به‌طور پیشگیرانه اقدام کنه و برنامه‌های درمانی شخصی‌سازی‌شده‌ای برای شما طراحی کنه. مثل این می‌مونه که شما یک نقشه دقیق از مسیر سلامت خودتون رو در اختیار داشته باشید و نیازی به ترس و اضطراب در مورد بیماری‌های احتمالی نباشه.

این تکنولوژی نه تنها می‌تونه ریسک ابتلا به بیماری‌ها رو به‌دقت پیش‌بینی کنه، بلکه کمک می‌کنه تا اقدامات پیشگیرانه در زمان مناسب انجام بشه و از بیماری‌هایی که شاید هیچ علائمی نداشته باشن، جلوگیری بشه. این یعنی نه تنها شما به‌طور دقیق می‌دونید که در چه شرایطی باید مراقب سلامتتون باشید، بلکه پزشکان هم می‌تونن به شما درمان‌های دقیق‌تر و شخصی‌تری ارائه بدن.

در نهایت، ابزار Delphi-2M می‌تونه به شما کمک کنه که از بیماری‌هایی که ممکنه هیچ علائمی نداشته باشن، جلوگیری بشید و از همون ابتدا با اقدامات پیشگیرانه، سلامتتون رو حفظ کنید. این یعنی شانس بهبودی بیشتر، زندگی سالم‌تر و زمان بیشتر برای لذت بردن از هر لحظه از زندگی.

جهش‌های ژنی و بروز سرطان: در سال‌های اخیر، الگوریتم‌های مبتنی بر یادگیری ماشین و هوش مصنوعی (AI^۱) به‌طور چشمگیری در تشخیص و پیش‌بینی سرطان‌ها مورد استفاده قرار گرفته‌اند. این الگوریتم‌ها با تحلیل داده‌های ژنتیکی، تصاویر پزشکی و اطلاعات بالینی، قادرند الگوهای پیچیده‌ای را شناسایی کنند که ممکن است از چشم‌های انسان پنهان بمانند. برای مثال، تصور کنید که تشخیص سرطان مانند پیدا کردن یک نقطه ریز در یک نقاشی بزرگ است. انسان ممکن است نتواند این نقطه را به‌راحتی پیدا کند، اما الگوریتم‌های هوش مصنوعی می‌توانند به‌طور دقیق آن را شناسایی کرده و بیماری را در مراحل اولیه تشخیص دهند. استفاده از این الگوریتم‌ها در حوزه سرطان‌شناسی توانسته است انقلابی در فرآیندهای تشخیص، پیش‌بینی و درمان ایجاد کند. در این راستا، الگوریتم‌های مختلفی همچون تصنیف‌کننده‌های تصادفی (Random Forest)، شبکه‌های عصبی مصنوعی (ANNs^۲) و ماشین‌های بردار پشتیبانی (SVM^۳) به‌عنوان ابزارهای تحلیلی پیشرفته در پردازش داده‌های حجیم و کشف ویژگی‌های کلیدی در تشخیص سرطان معرفی شده‌اند. این الگوریتم‌ها مثل تیم‌های تخصصی هستند که می‌توانند حجم زیادی از داده‌ها را به‌طور مؤثر پردازش کرده و ویژگی‌های کلیدی بیماری را شناسایی کنند. به‌ویژه در زمینه تحلیل تصاویر پزشکی نظیر تصاویر ماموگرافی، CT-Scan و MRI. این الگوریتم‌ها موفقیت‌های چشمگیری در شناسایی نقاط مشکوک و سلول‌های سرطانی به‌دست آورده‌اند که به تسریع روند تشخیص و کاهش خطاهای انسانی کمک می‌کنند.

تشخیص زودهنگام با استفاده از هوش مصنوعی: به‌طور مثال، در تصاویر ماموگرافی که برای تشخیص سرطان پستان استفاده می‌شود، الگوریتم‌های هوش مصنوعی قادرند تومورها را حتی زمانی که بسیار کوچک و در مراحل اولیه هستند شناسایی کنند. این شناسایی زودهنگام می‌تواند به پزشکان این امکان را بدهد که درمان را در اسرع وقت آغاز کرده و احتمال بهبودی بیمار را افزایش دهند. علاوه بر این، در تصاویر CT-Scan و MRI نیز، الگوریتم‌های AI قادر به شناسایی ضایعات و تومورها حتی در مقیاس‌های میکروسکوپی هستند که ممکن است از دید انسانی پنهان بمانند. این نوع تحلیل‌های دقیق و پیشرفته باعث می‌شود تا پزشکان بتوانند تشخیص‌های خود را بر اساس داده‌های علمی و شواهد قطعی قرار دهند.

کاهش خطاهای انسانی و افزایش دقت در تصمیم‌گیری:

این الگوریتم‌ها همچنین به کاهش خطاهای انسانی کمک می‌کنند و پزشکان را در فرآیند تصمیم‌گیری یاری می‌دهند، به‌ویژه در شرایطی که تحلیل داده‌ها بسیار پیچیده و زمان‌بر است. مثلاً، در مواردی که چندین نوع تومور مختلف وجود دارد، یا بیمار سابقه بیماری‌های ژنتیکی دارد که ممکن است روی تصمیمات درمانی تاثیر بگذارد، این الگوریتم‌ها می‌توانند به‌طور خودکار مدل‌هایی از وضعیت بالینی بیمار بسازند و پیش‌بینی‌هایی را در خصوص احتمال موفقیت درمان‌ها ارائه دهند.

پیش‌بینی درمان‌های خاص با استفاده از هوش مصنوعی:

در حالی که به نقش هوش مصنوعی در تحلیل تصاویر پزشکی مانند ماموگرافی و CT-Scan اشاره شده است، لازم است که کاربردهای گسترده‌تر این الگوریتم‌ها را نیز در زمینه‌های مختلف تشخیص و پیش‌بینی درمان برای انواع خاصی از سرطان بررسی کنیم. به‌طور مثال، در سرطان‌های سرطان روده بزرگ یا سرطان پروستات، الگوریتم‌های AI می‌توانند پیش‌بینی کنند که آیا بیمار به شیمی‌درمانی یا درمان‌های هدفمند (مثل سرم درمانی یا ایمونوتراپی) پاسخ خواهد داد یا خیر. این تحلیل‌ها به

پزشکان کمک می‌کنند تا از روش‌های درمانی مناسب‌تر و شخصی‌سازی‌شده استفاده کنند، که می‌تواند اثربخشی درمان‌ها را به‌طور چشمگیری افزایش دهد. در مورد درمان‌های هدفمند برای سرطان، هوش مصنوعی می‌تواند پیش‌بینی کند که کدام درمان بر اساس موتاسیون‌های ژنتیکی یا ویژگی‌های سلولی بیمار کارایی بیشتری دارد. برای مثال، در سرطان ریه، با شناسایی جهش‌های خاص در ژن‌های EGFR یا ALK، الگوریتم‌های یادگیری ماشین می‌توانند درمان‌های هدفمند خاصی را پیشنهاد دهند که در برابر این جهش‌ها مؤثرترند.

کاربردهای عملی الگوریتم‌های یادگیری ماشین در تشخیص سرطان

الگوریتم‌های یادگیری ماشین به‌طور ویژه در تشخیص زودهنگام سرطان و پیش‌بینی روند پیشرفت بیماری کاربرد گسترده‌ای دارند. به‌ویژه، الگوریتم‌های مبتنی بر یادگیری عمیق (Deep Learning) و شبکه‌های عصبی پیچیده می‌توانند ویژگی‌های پیچیده‌تری را از داده‌های ژنتیکی استخراج کرده و الگوهایی را شناسایی کنند که می‌توانند در پیش‌بینی پاسخ به درمان و پیشگیری از عود سرطان کمک کنند. به عبارت دیگر، این الگوریتم‌ها قادر به شناسایی و استخراج ویژگی‌های پیچیده از داده‌های پزشکی هستند که به تصمیم‌گیری‌های دقیق‌تر و بهینه‌تر در درمان کمک می‌کنند. برای مثال، الگوریتم‌های یادگیری ماشین قادرند با استفاده از داده‌های جهش‌های ژنی و پروفایل‌های ژنتیکی، پیش‌بینی دقیقی از این که کدام درمان‌ها برای بیماران مبتلا به سرطان پستان سه‌گانه منفی مؤثر خواهند بود، ارائه دهند. این نوع سرطان‌ها به‌دلیل مقاومت به درمان، یکی از چالش‌های مهم در تصمیم‌گیری‌های درمانی هستند.

برای بیماران مبتلا به سرطان پستان سه‌گانه منفی، تشخیص دقیق و پیش‌بینی این که کدام درمان اثرگذار خواهد بود، یک گام مهم در بهبود نتایج درمانی است. الگوریتم‌های جنگل تصادفی (Random Forest) و ماشین‌های بردار پشتیبانی (SVM) به‌ویژه در شناسایی بیماران پاسخ‌دهنده و غیرپاسخ‌دهنده به درمان‌ها با دقت بالا کاربرد دارند. این الگوریتم‌ها در تشخیص سرطان‌های پستان و ریه نیز نتایج بسیار دقیقی ارائه داده‌اند که کمک شایانی به تقسیم‌بندی دقیق بیماران برای انتخاب درمان‌های مناسب می‌کند. برای مثال، در مورد سرطان ریه، الگوریتم‌های یادگیری ماشین می‌توانند با استفاده از پروفایل‌های ژنتیکی و داده‌های تصویربرداری پزشکی (مانند CT scan و MRI)، تشخیص دهند که کدام بیماران به درمان‌های خاصی مانند شیمی‌درمانی یا درمان‌های هدفمند پاسخ خواهند داد و کدام بیماران ممکن است به درمان‌های دیگری نیاز داشته باشند. این الگوریتم‌ها به‌ویژه در تعیین درمان‌های مناسب و بهینه برای هر بیمار به‌طور فردی کمک می‌کنند. همچنین، الگوریتم‌های مبتنی بر هوش مصنوعی به‌طور فزاینده‌ای در شخصی‌سازی درمان‌ها و پیگیری پیشرفت بیماری در حال کاربرد هستند. با استفاده از این الگوریتم‌ها، پزشکان می‌توانند تصمیمات بهتری در خصوص انتخاب درمان‌های هدفمند و پیگیری وضعیت بیماران بگیرند. این فرآیند بهبود یافته، در نهایت به افزایش شانس موفقیت درمان‌ها و بهبود کیفیت زندگی بیماران کمک خواهد کرد. به‌طور مثال، در برخی از سرطان‌ها، این الگوریتم‌ها می‌توانند پیش‌بینی کنند که آیا درمان خاصی احتمالاً باعث کاهش اندازه تومور خواهد شد یا نه، و به پزشک کمک کنند تا بهترین روش درمانی را انتخاب کند.

چالش‌ها و فرصت‌های توسعه الگوریتم‌های هوش مصنوعی در تشخیص و درمان سرطان

توسعه و پیاده‌سازی الگوریتم‌های مبتنی بر یادگیری ماشین و هوش مصنوعی در تشخیص سرطان، پتانسیل بالایی برای تغییر شیوه‌های کنونی تشخیص و درمان سرطان دارد. با این حال، چالش‌های متعددی در این زمینه وجود دارد که باید برطرف شوند تا این تکنولوژی‌ها به‌طور مؤثر در محیط‌های بالینی به کار گرفته شوند. یکی از چالش‌های مهم، دستیابی به دقت و اعتبار کافی در الگوریتم‌ها است که می‌تواند در بیمارستان‌ها، کلینیک‌ها یا جمعیت‌های مختلف بیماران تغییرات قابل توجهی داشته باشد. به‌ویژه در سرطان‌هایی مانند سرطان پستان سه‌گانه منفی، که به دلیل تعدد جهش‌های ژنی و ویژگی‌های هتروژن خود بسیار پیچیده است، یافتن مدل‌های دقیق و قابل اعتماد برای پیش‌بینی پاسخ به درمان همچنان یک چالش بزرگ باقی مانده است.

برای درک بهتر: تصور کنید که الگوریتم‌های یادگیری ماشین همچون یک راهنمای گردشگری در دنیای پیچیده سرطان‌ها عمل می‌کنند. این الگوریتم‌ها با استفاده از داده‌ها، جهش‌های ژنی و سایر ویژگی‌های بیماری، می‌توانند مسیرهای درست را نشان دهند و پیش‌بینی کنند که کدام درمان برای هر بیمار بهترین نتیجه را به همراه خواهد داشت. اما همان‌طور که یک راهنمای گردشگری نمی‌تواند همه چیز را از پیش پیش‌بینی کند، الگوریتم‌ها هم ممکن است در برخی موارد با مشکلاتی نظیر داده‌های ناقص یا متناقض روبه‌رو شوند که دقت پیش‌بینی‌ها را کاهش دهد.

در مطالعه‌ای که توسط هدر جانسون در سال ۲۰۲۲ انجام شد، الگوریتم Gene-12 با موفقیت در پیش‌بینی پاسخ به درمان در دو گروه بزرگ بیماران (از جمله بیماران مبتلا به سرطان پستان سه‌گانه منفی) مورد آزمایش قرار گرفت و نتایج آن نشان‌دهنده دقت بالای آن در شناسایی پاسخ‌دهندگان و غیرپاسخ‌دهندگان به درمان بود. در این تحقیق، از دو گروه بیمار برای آموزش و اعتبارسنجی الگوریتم استفاده شده است:

۱. گروه The Cancer Genome Atlas:

- تعداد بیماران: ۳۹۹ نفر
- دوره پیگیری: تا ۱۵۰ ماه
- زیرگروه ۴۲: TNBC بیمار

۲. گروه Memorial Sloan Kettering:

- تعداد بیماران: ۸۰۷ نفر
- دوره پیگیری: تا ۲۲۰ ماه
- زیرگروه ۷۵: TNBC بیمار

در گروه TCGA، الگوریتم -۱۲ ژن با استفاده از منحنی‌های ROC ارزیابی شد و دارای مساحت زیر منحنی (AUC) برابر با ۰.۹۶ (با فاصله اطمینان ۰.۹۴-۰.۹۸) بود. همچنین، در گروه TNBC این AUC برابر با ۰.۸۵ (با فاصله اطمینان ۰.۷۳-۰.۹۸) گزارش شد. در گروه MSK، الگوریتم -۱۲ ژن با AUC برابر با ۰.۹۷ (با فاصله اطمینان ۰.۹۵-۰.۹۸) ارزیابی شد. در گروه TNBC این AUC برابر با ۰.۹۸۱ (با فاصله اطمینان ۰.۹۵-۱.۰۱) گزارش شد.

در ارزیابی حساسیت و ویژگی، در گروه TCGA، حساسیت ۷۱٪ (با فاصله اطمینان ۹۵٪: ۳۸-۱۰۵٪) و ویژگی ۹۷٪ (با فاصله اطمینان ۹۵٪: ۹۲-۱۰۳٪) برای گروه TNBC گزارش شد. در گروه MSK، حساسیت ۹۰٪ (با فاصله اطمینان ۹۵٪: ۷۹-۱۰۱٪) و ویژگی ۹۱٪ (با فاصله اطمینان ۹۵٪: ۸۳-۹۹٪) برای گروه TNBC گزارش شد.

این نتایج نشان‌دهنده دقت بالای الگوریتم -۱۲ ژن در پیش‌بینی پاسخ به درمان در بیماران مبتلا به سرطان پستان سه‌گانه منفی است.

با این حال، موانع موجود در پیاده‌سازی این الگوریتم‌ها در محیط‌های بالینی همچنان برجسته است. یکی از این موانع، داده‌های نامتجانس است که در بسیاری از محیط‌های بالینی و بیمارستان‌ها وجود دارند. این داده‌ها ممکن است به دلیل تفاوت‌های جغرافیایی،

روش‌های مختلف آزمایشگاهی، و دسترسی به تجهیزات بهینه، نتایج متناقضی را ایجاد کنند. پتانسیل‌های آینده در این حوزه شامل گسترش اعتبارسنجی الگوریتم‌ها در محیط‌های بالینی واقعی است. اگر این الگوریتم‌ها در مطالعات آینده و جمعیت‌های بزرگ‌تر بیماران، به‌ویژه در مطالعات بالینی آینده‌نگر، مورد استفاده قرار گیرند، احتمالاً به ابزارهای کلیدی در تصمیم‌گیری‌های درمانی تبدیل خواهند شد. این گام‌ها می‌تواند مانند استفاده از یک نقشه دقیق‌تر در مسیریابی درمان‌ها عمل کند، که به انتخاب‌های دقیق‌تر و مؤثرتر منجر شود. در این راستا، گام‌های بعدی شامل استفاده از داده‌های متنوع و غنی از جمعیت‌های مختلف بیماران و آزمایش‌های بالینی گسترده‌تر است که می‌تواند الگوریتم‌های مبتنی بر یادگیری ماشین و هوش مصنوعی را به ابزاری معتبرتر و جهانی‌تر تبدیل کند. این فرآیند می‌تواند به‌ویژه در مناطق جغرافیایی مختلف و با جمعیت‌های مختلف بیماران، دقت الگوریتم‌ها را افزایش دهد و آن‌ها را به ابزارهای مؤثری برای شخصی‌سازی

درمان‌ها و پیش‌بینی بهبودها تبدیل کند. فرصت‌های بزرگی در استفاده از داده‌های ژنتیکی و یادگیری ماشین برای شناسایی دقیق‌تر جهش‌های ژنی و پیش‌بینی بهتر درمان‌ها وجود دارد. این الگوریتم‌ها می‌توانند به‌ویژه در شخصی‌سازی درمان‌ها و کاهش نرخ مرگ‌ومیر مؤثر باشند. همچنین، امکان ترکیب این الگوریتم‌ها با سایر داده‌های بالینی مانند تصاویر پزشکی، علائم بالینی و داده‌های ژنتیکی شخصی‌سازی شده می‌تواند به مدل‌های پیش‌بینی دقیق‌تری منجر شود. این الگوریتم‌ها می‌توانند نقش مؤثری در بهبود استراتژی‌های درمانی، پیشگیری و مدیریت بیماران ایفا کنند. با این حال، برای دستیابی به این اهداف، نیاز به توسعه بیشتر در تحقیقات و آزمایش‌های بالینی وجود دارد تا این الگوریتم‌ها به معیارهای استاندارد در محیط‌های بالینی تبدیل شوند. با گذشت زمان و با جمع‌آوری داده‌های بیشتر، الگوریتم‌های یادگیری ماشین و هوش مصنوعی می‌توانند به ابزاری حیاتی برای مبارزه با سرطان تبدیل شوند و کمک شایانی به بهبود کیفیت زندگی بیماران نمایند.

تحلیل‌های ژنتیکی و هوش مصنوعی: کلید دقت بیشتر در تشخیص و درمان سرطان

در سال‌های اخیر، الگوریتم‌های یادگیری عمیق نشان داده‌اند که می‌توانند از دل تصاویر سی‌تی‌اسکن قفسه سینه، سرنخ‌های بسیار ظریفی را بیرون بکشند که برای چشم انسان به‌سادگی قابل رؤیت نیست. نمونه‌ی شاخص، Sybil است؛ مدلی که توسط پژوهشگران MGH/Harvard و MIT توسعه داده شد و تنها با یک اسکن LDCT می‌تواند خطر بروز سرطان ریه را برای ۱ تا ۶ سال آینده برآورد کند—بدون نیاز به داده‌های بالینی یا حاشیه‌نویسی رادیولوژیست. Sybil بر پایه‌ی داده‌های کارآزمایی بزرگ NLST ساخته و سپس در مراکز مستقل ارزیابی شد؛ کارایی آن با AUCهای زمان‌مند (مثلاً حدود ۰.۹۲ برای پیش‌بینی یک‌ساله روی NLST) گزارش شده است؛ یعنی تمرکز آن پیش‌بینی آینده است، نه «دقت تشخیص لحظه‌ای». در کنار پیش‌بینی ریسک، پژوهش‌های دیگری هم نشان داده‌اند که یادگیری عمیق می‌تواند غربالگری/تشخیص را روی خودِ تصاویر CT بهبود دهد. در یک مطالعه‌ی شاخص منتشرشده در Nature Medicine، سامانه‌ای سه‌بعدی و اند-تو-اند روی داده‌های NLST و یک کوهورت مستقل توانست به AUROC ۰.۹۴ برسد و نرخ خطاهای مثبت و منفی

را کاهش دهد—یک گام مهم به‌سوی دقت بالاتر و تصمیم‌گیری مطمئن‌تر در اسکرینینگ. نتیجه‌ی عملی چیست؟ سرعت و مقیاس‌پذیری این مدل‌ها باعث می‌شود بررسی خودکار نواحی مشکوک در CT به‌سرعت انجام شود، و در بسیاری موارد به تشخیص زودهنگام کمک کند؛ چیزی که در سرطان ریه حیاتی است. و وقتی این تحلیل تصویری با داده‌های ژنتیکی و اطلاعات بالینی ترکیب شود، می‌توان مسیر بیماری و پاسخ احتمالی به درمان را با دقت بیشتری پیش‌بینی کرد—از طراحی غربالگری هدفمند گرفته تا انتخاب درمان‌های شخصی‌سازی‌شده. نکته‌ی مهم روش‌شناسی: در ادبیات علمی تصویربنیاد، AUC/AUROC معیار استاندارد عملکرد است و با «دقت (Accuracy)» یکی نیست. بنابراین، به‌جای ادعای «دقت ۹۳٪ روی X بیمار»، بهتر است به نوع مسئله (پیش‌بینی ریسک در آینده یا تشخیص همین‌اکنون)، شاخص مناسب (AUC)، و منابع داده (NLST و کوهورت‌های بیرونی) اشاره شود. این رویکرد، تصویر واقعی‌تری از توان بالقوه‌ی هوش مصنوعی در مسیر تشخیص زودهنگام و درمان دقیق به دست می‌دهد.

کنترل کیفیت استخراج DNA: راهی برای دقت در تشخیص سرطان!

در حال حاضر، یکی از کلیدی‌ترین عوامل در تشخیص دقیق سرطان‌ها، استخراج DNA از نمونه‌های بیولوژیکی است. این فرآیند نه تنها پایه‌گذار تمام آزمایش‌های ژنتیکی است، بلکه تأثیر مستقیمی بر دقت و صحت نتایج دارد. به عبارت دیگر، اگر DNA به درستی استخراج نشود، کل فرآیند تشخیص ممکن است دچار اشکال شده و به نتایج اشتباهی منجر شود. این اشتباهات می‌توانند در تشخیص نوع سرطان، شناسایی جهش‌های ژنی و حتی انتخاب درمان‌های مناسب مشکلاتی ایجاد کنند. کنترل کیفیت استخراج DNA در آزمایشگاه‌های ژنتیکی، به‌ویژه در زمینه تشخیص سرطان‌ها، حیاتی است. این کنترل شامل مراحل متعددی است که به‌طور دقیق باید انجام شود تا اطمینان حاصل شود که DNA به درستی استخراج شده و از هرگونه آلودگی یا آسیب دور باشد.

۱. کیفیت و کمیت DNA استخراج شده:

- اندازه‌گیری غلظت و خلوص DNA: برای ارزیابی کیفیت DNA، یکی از مهم‌ترین معیارها بررسی غلظت و نسبت A_{260}/A_{280} است. این نسبت نشان‌دهنده خلوص DNA است که برای آزمایش‌هایی مانند PCR (واکنش زنجیره‌ای پلیمرز) ضروری است. اگر DNA خالص نباشد، واکنش‌ها دچار اختلال می‌شوند و نتایج آزمایش‌ها به‌طور جدی تحت تأثیر قرار می‌گیرند.

- اندازه قطعات DNA: اندازه و سلامت قطعات DNA برای آزمایش‌هایی مانند توالی‌یابی و PCR بسیار مهم است. DNA خرد شده می‌تواند منجر به عدم دقت در تشخیص و کاهش کیفیت نتایج آزمایش‌ها شود.

۲. پایداری DNA:

- آزمون‌های تجزیه DNA: آسیب‌های ناشی از اکسیداسیون یا شکستگی‌های DNA می‌تواند به‌طور قابل‌توجهی نتایج آزمایش‌ها را تحت تأثیر قرار دهد. بررسی این آسیب‌ها برای حفظ پایداری DNA و جلوگیری از کاهش دقت نتایج ضروری است.
- کنترل شرایط ذخیره‌سازی: برای جلوگیری از تجزیه DNA نمونه‌ها باید در دمای مناسب نگهداری شوند. بهترین دما برای ذخیره‌سازی DNA معمولاً منفی ۲۰ درجه سانتی‌گراد یا پایین‌تر است تا از تغییرات ساختاری آن جلوگیری شود.

۳. کاهش آلودگی:

- آلودگی با DNA خارجی: جلوگیری از آلودگی نمونه‌ها با DNA خارجی یکی از چالش‌های اساسی در فرآیند استخراج DNA است. این آلودگی‌ها می‌توانند به‌طور جدی دقت نتایج آزمایش‌ها را مختل کرده و موجب تشخیص‌های نادرست شوند. به‌ویژه در تشخیص سرطان‌ها که هر جزئیات اهمیت دارد، این آلودگی‌ها می‌توانند به نتایج اشتباه منجر شوند.

۴. استفاده از کیت‌های استاندارد

و معتبر:

- کیفیت کیت‌ها: استفاده از کیت‌های استاندارد شده از دیگر جنبه‌های مهم کنترل کیفیت است. این کیت‌ها تضمین می‌کنند که فرآیند استخراج به دقت و با کیفیت بالا انجام شود. همچنین، این کیت‌ها از آسیب به DNA جلوگیری کرده و خطر آلودگی را به حداقل می‌رسانند.

چرا کنترل کیفیت استخراج DNA این قدر اهمیت دارد؟

• مقایسه با داده‌های ژنتیکی:

اگر DNA به‌طور صحیح استخراج نشود، تطابق با داده‌های موجود در پایگاه‌های داده ژنتیکی دشوار خواهد بود. این مسأله می‌تواند در مرحله تشخیص و انتخاب درمان‌ها مشکلاتی ایجاد کند.

در نهایت، کنترل کیفیت استخراج DNA به‌عنوان یک بخش اساسی و حیاتی در آزمایشگاه‌های ژنتیکی، نقش مستقیمی در تشخیص دقیق سرطان‌ها و ارائه درمان‌های مؤثر دارد. این فرآیند، پایه‌گذار تمامی آزمایش‌های ژنتیکی است و بدون آن، تشخیص دقیق و درمان شخصی‌سازی‌شده غیرممکن می‌شود. در نتیجه، پیاده‌سازی دقیق این کنترل در آزمایشگاه‌ها برای ارائه نتایج معتبر و قابل اعتماد ضروری است و می‌تواند به‌طور چشمگیری در افزایش شانس بهبودی بیماران مبتلا به سرطان‌ها مؤثر باشد.

• دقت نتایج تشخیص: استخراج

صحیح DNA، اساس هر فرآیند تشخیصی ژنتیکی است. اگر DNA به‌درستی استخراج نشود، حتی پیشرفته‌ترین آزمایش‌ها مانند PCR یا توالی‌یابی هم نمی‌توانند نتایج دقیقی ارائه دهند. این امر به‌ویژه در تشخیص سرطان‌ها بسیار حیاتی است، زیرا شناسایی جهش‌های ژنی خاص می‌تواند تفاوت بین درمان موفق و شکست‌خورده باشد.

• شخصی‌سازی درمان‌ها: با توجه

به تفاوت‌های ژنتیکی هر فرد، انتخاب درمان‌های مؤثر و شخصی‌سازی‌شده می‌تواند به‌طور چشمگیری موفقیت درمان را افزایش دهد. برای این منظور، نیاز است که DNA از هر نظر استخراج شود تا مطمئن شویم که هیچ گونه آلودگی یا نقصی در آن وجود ندارد که بر نتایج تأثیر بگذارد.



هوش مصنوعی و ایمنی: نقشه‌برداری از آینده پزشکی شخصی



استاد عبدالباست مزارزئی

کارشناسی ارشد ایمنی‌شناسی پزشکی

- استاد گرامی، در آغاز لطفاً خودتان را معرفی بفرمایید و در خصوص حوزه تخصصی و زمینه‌های پژوهشی خود توضیح مختصری ارائه دهید.

+ اینجانب عبدالباست مزارزئی، دانش‌آموخته کارشناسی ارشد ایمونولوژی از دانشگاه تربیت مدرس تهران هستم. علاقه‌مندی من به حوزه ایمنی‌شناسی از دوران پایان‌نامه کارشناسی آغاز شد؛ زمانی که مطالعه بر روی سلول‌های کشنده طبیعی (NK cells) را شروع کردم. تمرکز اصلی پژوهش‌هایم بررسی نقش این سلول‌ها در دفاع ایمنی علیه سلول‌های سرطانی و توسعه رویکردهای ایمونوتراپی بوده است. در دوران شیوع کووید ۱۹- نیز به‌عنوان مسئول کنترل کیفی و عضو تیم آزمایشگاه مولکولی فعالیت داشتم که تجربه ارزشمندی در زمینه طراحی پروتکل‌های PCR، استخراج RNA و مدیریت داده‌های آزمایشگاهی برایم رقم زد. در حال حاضر، محور مطالعاتم بر بررسی ارتباط میان ایمنی، متابولیسم و پاسخ سلولی در سرطان متمرکز است.

- به نظر شما هوش مصنوعی در سال‌های اخیر در حوزه‌های زیست‌پزشکی، به‌ویژه ایمونولوژی، چه جایگاه و اهمیتی یافته است؟

+ هوش مصنوعی در سال‌های اخیر به یکی از نیروهای تحول‌ساز در زیست‌پزشکی تبدیل شده و در ایمونولوژی نقشی کلیدی دارد. این فناوری می‌تواند حجم عظیمی از داده‌های ژنومی، پروتئومی و سلولی را تحلیل کند و در کشف بیومارکرهای جدید، طراحی واکسن‌ها و داروهای هوشمند، پیش‌بینی پاسخ بیماران به درمان‌ها و حتی تحلیل دقیق‌تر تصاویر پاتولوژی و ایمونوهیستوشیمی کاربرد داشته باشد. در واقع، هوش مصنوعی توانسته پلی میان داده‌های پیچیده زیستی و تصمیم‌های بالینی مؤثر برقرار کند.

- تا چه اندازه می‌توان به دقت و قابلیت اطمینان مدل‌های یادگیری عمیق در تحلیل داده‌های ایمونولوژیک اعتماد کرد؟

+ اعتماد به این مدل‌ها بستگی مستقیم به کیفیت و تنوع داده‌های ورودی دارد. در داده‌های استاندارد و با حجم بالا، مدل‌های یادگیری عمیق گاهی دقتی در حد متخصصان انسانی دارند؛ اما چون سیستم ایمنی به‌طور ذاتی پویا و متغیر است، تعمیم‌پذیری نتایج در جمعیت‌های متفاوت همچنان چالش‌برانگیز است. بنابراین، تأیید آزمایشگاهی نتایج و استفاده از مدل‌های قابل تفسیر، برای افزایش اعتماد و کاربرد عملی آن‌ها ضروری است.

- استفاده از هوش مصنوعی در تفسیر داده‌های ژنتیکی بیماران چه چالش‌های اخلاقی دارد و چگونه می‌توان با آن‌ها مواجه شد؟

+ مهم‌ترین چالش‌ها شامل حفظ حریم خصوصی داده‌های ژنتیکی، جلوگیری از تعصب و تبعیض الگوریتمی، و تعیین مالکیت داده‌هاست. داده‌های ژنتیکی بسیار حساس‌اند و نشت یا سوءاستفاده از آن‌ها می‌تواند پیامدهای جدی برای فرد و خانواده‌اش داشته باشد. برای کاهش این خطرات باید از روش‌های نوین یادگیری مانند فدرال لرنینگ و حریم خصوصی دیفرانسیلی استفاده کرد، تنوع داده‌ها در آموزش مدل‌ها تضمین شود و قوانین روشن درباره رضایت آگاهانه و مالکیت داده‌ها تدوین گردد.

- آیا معتقدید که در آینده‌ای نزدیک، پزشکی شخصی با تکیه بر هوش مصنوعی وارد مرحله‌ی کاربرد بالینی گسترده خواهد شد؟

+ بله، به باور من در ۵ تا ۱۰ سال آینده پزشکی شخصی مبتنی بر هوش مصنوعی به‌صورت گسترده در بالین استفاده خواهد شد. رشد سریع داده‌های ژنوم، کاهش هزینه‌های توالی‌یابی، توسعه پرونده‌های سلامت الکترونیک و داده‌های حاصل از ابزارهای پوشیدنی، زمینه را برای این تحول فراهم کرده‌اند. در کنار آن، پیشرفت‌های قابل توجه در آنکولوژی و فارماکوژنومیکس نیز باعث شده هوش مصنوعی از یک ابزار تحقیقاتی، به سامانه‌ای مؤثر در تصمیم‌گیری بالینی تبدیل شود؛ سامانه‌ای که می‌تواند دوز دارو، نوع درمان و حتی پیش‌آگهی بیمار را با دقت بالاتری مشخص کند.

- از شما بابت اشتراک گذاری دیدگاه‌های روشن‌گرانه‌تان سپاسگزاریم.

بیوشیمی: گذرنامه ژنتیک؛ سفری از مولکول به ژنوم!

جناب آقای محمد هدایت مقدم

دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک انسانی



- سلام آقای هدایت مقدم، ابتدا تبریک می‌گویم به شما بابت قبولی در مقطع ارشد. می‌توانید به‌طور خلاصه مسیری که طی کردید، از شروع تا رسیدن به موفقیت، با تمام پستی و بلندی‌های آن را برای ما توضیح دهید؟

+ من در مقطع کارشناسی علوم آزمایشگاهی تحصیل کردم. در ابتدا علاقه‌ام بیشتر به مباحث بیوشیمی بود و همین باعث شد که مطالعاتم رو در اون زمینه جدی‌تر دنبال کنم. اما در ادامه، با ورود به فضای تحقیقات دانشگاهی و کار روی پروژه‌های مرتبط با ژنتیک، کم‌کم به این حوزه جذب شدم. از اونجا بود که علاقه‌ام به ژنتیک شکل گرفت و باعث شد به‌طور جدی مسیرم رو تغییر بدم.

این تغییر مسیر ساده نبود؛ چالش‌هایی مثل محدودیت منابع، فشار درس‌ها و هم‌زمانی کارهای تحقیقاتی وجود داشت، اما با پشتکار و علاقه‌ام توانستم این موانع رو پشت سر بذارم و در نهایت هم به‌عنوان استعداد درخشان بدون آزمون در مقطع ارشد ژنتیک در دانشگاه ایران پذیرفته شدم

- چه پیش‌زمینه‌ای از رشته‌ای که در آن پذیرفته شدید دارید؟ و این رشته چطور شما را به‌طور علمی و شخصی جذب خود کرده است؟

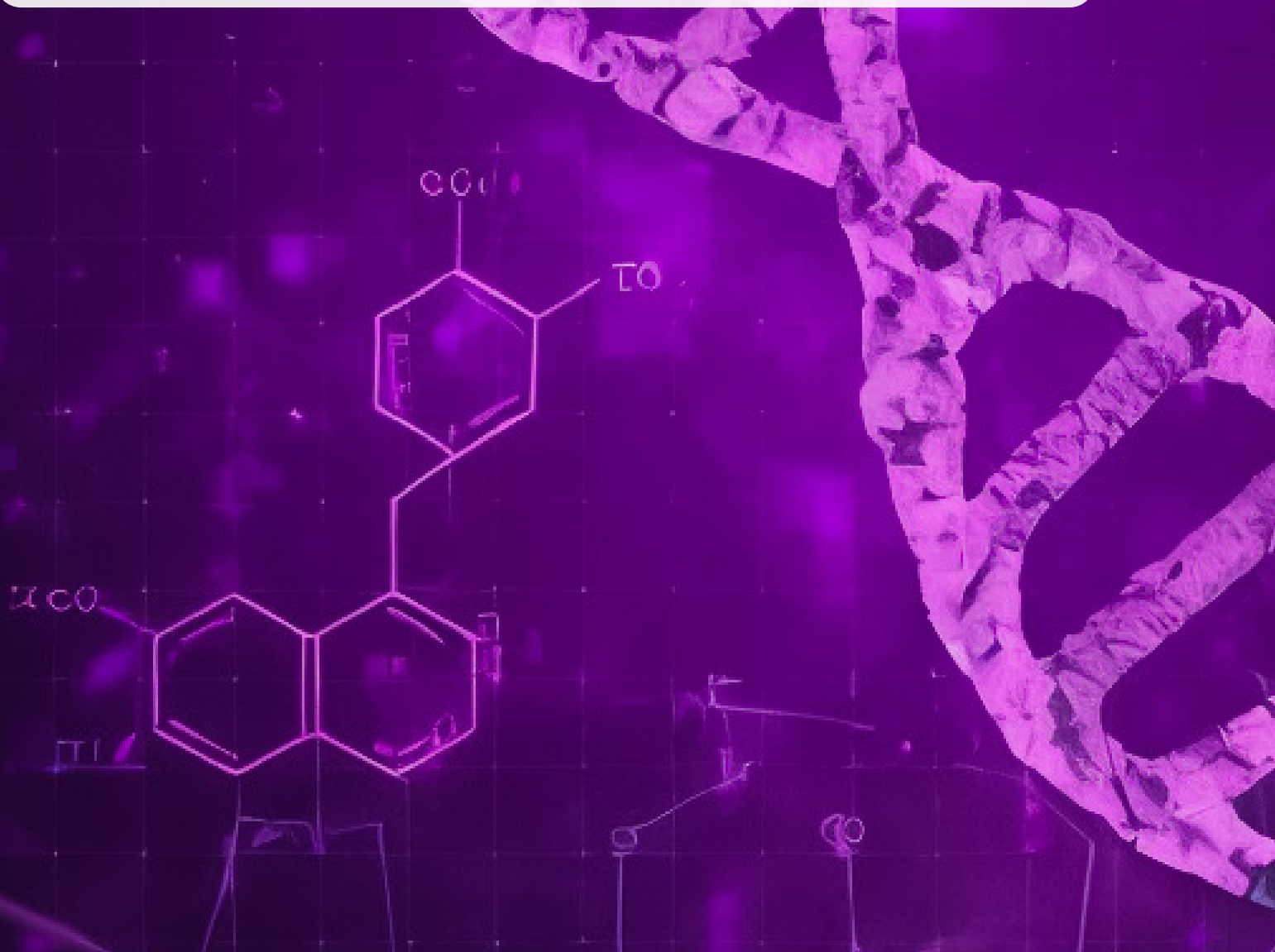
+ پیش‌زمینه من بیوشیمی بود، اما چیزی که منو به ژنتیک جذب کرد، ماهیت بین‌رشته‌ای و کاربردی اون بود. ژنتیک در واقع پایه و اساس خیلی از بیماری‌ها، درمان‌ها و حتی فناوری‌های نوین مثل پزشکی شخصی محسوب می‌شه.

از نظر شخصی هم حس می‌کنم این رشته باعث رشد فکری و دید عمیق‌ترم به دنیای پزشکی و زیست‌شناسی شده. ژنتیک به من این امکان رو داد که هم علاقه‌ام به پژوهش رو دنبال کنم و هم در مسیری قرار بگیرم که با آینده علمی دنیا هم‌سو هست.

- بازار کار این رشته را چگونه ارزیابی می‌کنید؟ به نظر شما فرصت‌های شغلی در این حوزه برای فارغ‌التحصیلان ارشد ژنتیک چطور هستند و آینده شغلی این رشته را چگونه می‌بینید؟

+ بازار کار ژنتیک در ایران و دنیا به‌شدت رو به گسترشه. با توجه به پیشرفت‌های سریع در زمینه‌های مثل تست‌های ژنتیکی، درمان‌های هدفمند، شناسایی جهش‌های ژنی و فناوری‌های نوینی مثل CRISPR، نیاز به متخصصان ژنتیک روزبه‌روز بیشتر می‌شه. در ایران هم به‌خصوص در حوزه‌های پژوهشی، مراکز درمانی و آزمایشگاه‌های تخصصی، فرصت‌های شغلی خوبی وجود داره. علاوه بر این، حوزه ژنتیک آینده‌دارترین بخش علوم زیستی به حساب میاد، چون مسیر پزشکی آینده به سمت شخصی‌سازی درمان‌ها و پیشگیری از بیماری‌ها از طریق بررسی ژنتیک فردی حرکت می‌کنه. بنابراین، آینده این رشته رو بسیار روشن می‌بینم.

- ممنون از اینکه وقت گذاشتین، با آرزوی موفقیت در مقاطع بالاتر برای شما.



ذره در چرخه هستی

می‌کشایم دفتر رنگین، پر از رازِ نهان	عاشقانه بادِ رختان مهر می‌ورزد خزان
بر زبانِ رودها افسانه‌ها جاری شود	عطر باران فصل پاییز و هیاهوی جهان
رقص پا با پیچ و تابِ برگ‌های دامنش	کاسه پر، از سیبِ سرخ و زرد و به یک در میان
هر اناری خنده بر لب بوسه بردل می‌زند	طعم می‌خوش می‌دهد یاقوتِ سرخش در دهان
بیدمجنون مست و ورق‌صان دست در دستانِ باد	نرم و نازک قد خمیده شاخه در آبِ روان
رد پای جشن پاییز و، همان دل واپسی	رنگ در رنگست، باغ از بادِ سرد بی‌امان
سوتِ باد و پیکِ مرگ آمد، مهاگود است راه	پیشگوی برگ‌ها را داده تلقین نیمه جان

شاعر: آذر مختاری



جهت مشاهده رفرنس مطالب و دسترسی
به شماره های قبلی نشریه، اسکن کنید.