



هوش مصنوعی و کاربردهای آن در حوزه زیست‌فناوری منابع طبیعی

فرزاد بنائی اصل^{۱*}

هوش مصنوعی (Artificial Intelligence)

می‌توانند در کارهای بسیار پیچیده از انسان‌ها پیشی بگیرند. در سال‌های اخیر، شرکت‌های پیشرو از نظر تولید علم و فناوری، سیستم‌های هوش مصنوعی را توسعه و کارهایی را انجام می‌دهند که به دلیل مقیاس عظیم و پیچیدگی چالش توسط انسان امکان‌پذیر نیست. به عنوان مثال، برنامه AlphaFold از هوش مصنوعی برای پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی تقریباً هر پروتئینی در بدن انسان استفاده کرد. این امر درک ما را از بیماری‌هایی مانند آلزایمر بهبود بخشید و توانست تحقیقات را در مورد واکسن‌ها و داروها به شدت تسریع کند (Holmes et al., 2004).

مفهوم الگوریتم و کاربرد آن در سیستم‌های هوش مصنوعی

«برنامه‌نویسی سنتی» شامل دانش رمزگذاری و تجربه انسانی در مجموعه‌ای از دستورات دقیق است که رایانه می‌تواند گام‌به‌گام از آنها پیروی کند، که موجب می‌شود کامپیوتر به نظر هوشمندانه پاسخ دهد. این قوانین، که الگوریتم نامیده می‌شوند، به رایانه‌ها می‌گویند که چگونه وظایف را انجام دهند و در برنامه‌نویسی سنتی اغلب در قالب «IF-THEN-ELSE» بیان می‌شوند که شبیه درخت تصمیم است. هوش در سیستم‌های رایانه‌ای سنتی مستقیماً از دانش و تخصص انسانی است که در قالبی ثابت می‌شود که رایانه بتواند پردازش کند. انسان‌ها می‌توانند این «کد رایانه‌ای» را بخوانند و بفهمند که این سیستم‌های دیجیتال چگونه تصمیم می‌گیرند، بنابراین می‌توانند اشتباهات را شناسایی کنند و سیستم را بهبود بخشند. ذکر این نکته لازم است، برنامه‌نویسی سنتی برای محیط‌های محدودی مناسب است که در طول زمان تغییر چندانی نمی‌کنند (Kallem, 2012). برخلاف برنامه‌نویسی سنتی، سیستم‌های هوش مصنوعی به‌طور صریح در یک سری مراحل دقیق کدگذاری نمی‌شوند، اما در عوض با بررسی داده‌های آموزشی، نحوه حل یک مشکل را یاد می‌گیرند. امتیازدهی در سیستم‌های هوش مصنوعی نیز می‌تواند

هیچ تعریف واحد و مورد قبول همگانی برای هوش مصنوعی وجود ندارد، اما فرهنگ لغت انگلیسی آکسفورد، هوش مصنوعی را به‌عنوان «ظرفیت رایانه‌ها یا سایر ماشین‌ها برای نشان‌دادن رفتار هوشمند» تعریف می‌کند. این بدان معناست که به نظر می‌رسد، سیستم‌های هوش مصنوعی مانند انسان‌ها فکر می‌کنند، یاد می‌گیرند و عمل می‌کنند و در برخی موارد، توانایی‌هایشان فراتر از توانایی‌های انسان‌هاست، آنها می‌توانند حجم وسیعی از داده‌ها را تجزیه و تحلیل کنند، مشکلات پیچیده را حل کنند، تصمیم بگیرند و کارهای خلاقانه را انجام دهند. از مهمترین جنبه‌های هوش مصنوعی این است که مانند الکترونیسته، یک فناوری چندمنظوره است و می‌توان آن را به طرق مختلف و در سناریوهای مختلف به کار برد.

در سال ۱۹۵۰، آلن تورینگ، دانشمند مشهور کامپیوتر، یکی از جالب‌ترین سؤالاتی را که بشر تاکنون با آن مواجه شده است، مطرح کرد: آیا ماشین‌ها می‌توانند فکر کنند؟ هوش مصنوعی چندین دهه است که ذهن دانشمندان را به خود مشغول کرده است. هوش مصنوعی در سال‌های اخیر به‌ویژه در سال ۲۰۲۳، به‌طور چشمگیری توجه همگان را به خود جلب کرده است، اما هوش مصنوعی جدید نیست، به‌طوری‌که می‌توان تاریخچه آن را به توسعه رایانه‌ها پس از جنگ جهانی دوم در کنفرانس دارتموث در سال ۱۹۵۶ نسبت داد، در آن زمان، این موضوع به‌طور گسترده تحت عنوان هوش مصنوعی به‌عنوان یک زمینه مطالعاتی متمایز در نظر گرفته شد. هوش مصنوعی دارای سابقه طولانی در علوم کامپیوتر است که بر هدف کلی ایجاد ماشین‌های «هوشمند» متمرکز شده است، اما اصطلاح هوش به‌روشنی تعریف نشده است و حتی اندازه‌گیری «هوش» بسیار دشوار است (Holzinger et al., 2021a). در سال ۱۹۹۷، زمانی که ابرکامپیوتر IBM Deep Blue با الگوریتم‌های هوش مصنوعی توسط مهندسان IBM، استادبزرگ شطرنج، گری کاسپاروف را شکست داد، هوش مصنوعی واقعاً مورد توجه عموم قرار گرفت (Holzinger et al., 2023; Fetzer, 1990).

این رویدادها برای اولین بار به دنیا نشان دادند، رایانه‌هایی که با حجم زیادی از داده‌ها و نرم‌افزارهای هوش مصنوعی کار می‌کنند،

*- نویسنده مسئول، استادیار پژوهش، بخش تحقیقات زیست‌فناوری، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایران،

پست الکترونیک: banaei.farzad@gmail.com



بسیاری دیگر از این موارد است. پیشرفت‌های آینده در این حوزه به شدت به توانایی پژوهشگران بیوتکنولوژی برای استفاده مؤثر از راه‌حل‌های پیشرفته هوش مصنوعی بستگی دارد. صنعت بیوتکنولوژی در حال حاضر به شدت به ذخیره‌سازی، فیلتر کردن، تجزیه و تحلیل و به اشتراک‌گذاری داده‌ها متکی است (Holzinger et al., 2023).

هوش مصنوعی در بیوتکنولوژی جنگل

جنگل‌های طبیعی از ارزش اکولوژیکی بسیار بالایی برخوردار هستند. این جنگل‌های با رشد آهسته قادر به پاسخگویی به تقاضای فعلی نیستند و در نتیجه از بین خواهند رفت. اینجاست که بیوتکنولوژی جنگل، به‌ویژه مهندسی ژنتیک می‌تواند کمک کند و با ایجاد جنگل‌های دست‌کاشت برای پاسخگویی پایدار به تقاضای جهانی برای چوب پاسخ دهد (Fenning and Gershenzon, 2002). کاربردهای بالقوه زیادی برای هوش مصنوعی وجود دارد، از جمله:

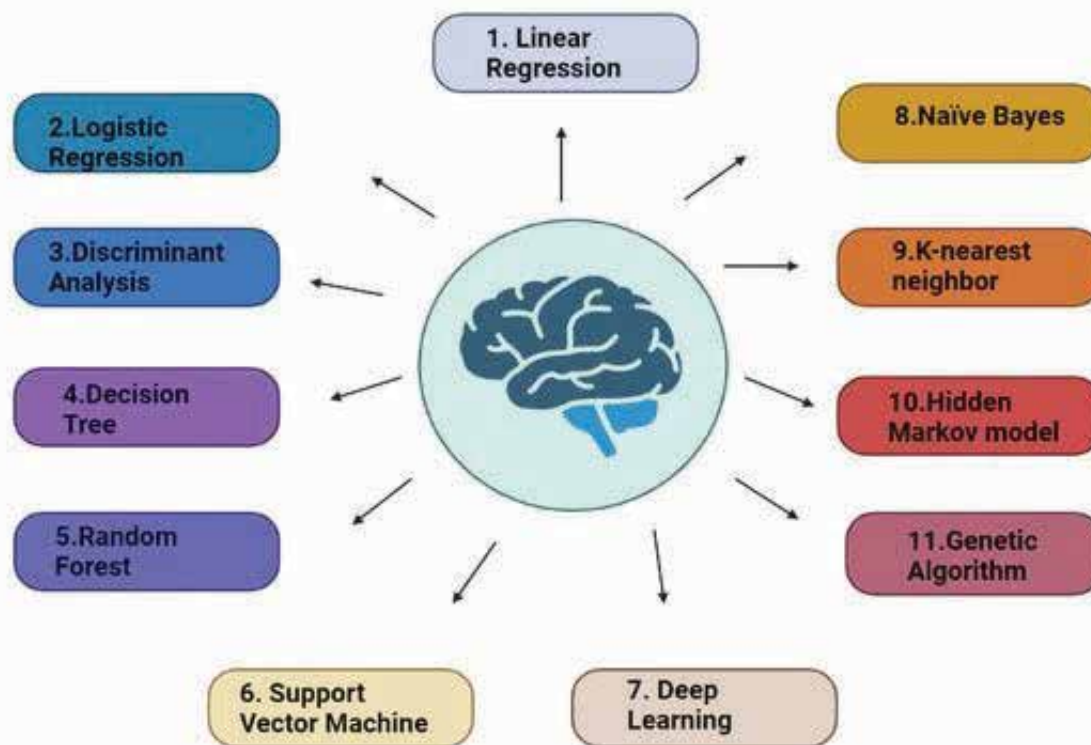
* مدل‌سازی پیش‌بینی‌کننده: هوش مصنوعی می‌تواند با تجزیه و تحلیل داده‌های تصاویر ماهواره‌ای، تصاویر هواپیماهای بدون سرنشین و سایر منابع برای پیش‌بینی

به‌طور مداوم موجب «آموختن از تجربه» شود و مسیر طی‌شده به سمت نتیجه ممکن است هر بار که سیستم هوش مصنوعی اجرا می‌شود، متفاوت باشد یا ارتقا یابد.

شرکت‌های بیوتکنولوژی اکنون از الگوریتم‌های مختلف هوش مصنوعی برای توسعه ربات‌های مستقلی استفاده می‌کنند که وظایف مهم کشاورزی مانند برداشت محصولات را با سرعتی بسیار بیشتر از انسان‌ها انجام می‌دهند. الگوریتم‌های Computer Vision و DL برای پردازش و تجزیه و تحلیل داده‌های گرفته‌شده توسط پهپادها استفاده می‌شوند. الگوریتم‌های ML به ردیابی و پیش‌بینی تغییرات مختلف محیطی از جمله تغییرات آب‌وهوایی، که بر عملکرد محصول تأثیر می‌گذارند، کمک می‌کنند (Holzinger et al., 2022).

هوش مصنوعی در بیوتکنولوژی

در حال حاضر از هوش مصنوعی به‌طور گسترده در بیوتکنولوژی برای حل مشکلات مختلف استفاده می‌شود. به‌عنوان مثال، کشف و سنجش ایمنی دارو، ژنومیکس عملکردی و ساختاری، پروتئومیکس، متابولومیکس، فارماکولوژی، فارماکوژنتیک و فارماکوژنومیک و



شکل ۱- پرکاربردترین الگوریتم‌های هوش مصنوعی (Quazi, 2022)

رشد و عملکرد گونه‌های مختلف درختان در مکان‌های مختلف استفاده شود و به بهینه‌سازی کاشت و مدیریت جنگل‌ها برای حداکثر بهره‌وری کمک کند (Nothdurft et al., 2021).

* مدیریت بیماری و آفات: هوش مصنوعی می‌تواند برای تجزیه و تحلیل داده‌ها در مورد حضور و گسترش بیماری‌ها و آفات در جنگل‌ها، همچنین برای پیش‌بینی تأثیر احتمالی آنها بر سلامت و بهره‌وری درختان استفاده شود و به شناسایی مناطق در معرض خطر و اجرای اقدامات پیشگیرانه برای حفاظت از جنگل‌ها کمک کند.

* پایش محیطی: هوش مصنوعی می‌تواند برای تجزیه و تحلیل داده‌های حسگرها و سایر منابع برای نظارت بر سلامت جنگل‌ها و شناسایی اثرهای بالقوه زیست محیطی، به‌عنوان مثال، آتش‌سوزی استفاده شود (Fenning and Gershenzon, 2002; Holzinger et al., 2023) و به شناسایی مناطقی که در معرض خطر هستند، همچنین اجرای اقداماتی برای حفاظت از جنگل‌ها کمک کند.

* مدیریت منابع: هوش مصنوعی می‌تواند برای بهینه‌سازی استفاده از منابع، مانند آب و مواد مغذی، در جنگل‌ها برای به حداکثر رساندن بهره‌وری و به حداقل رساندن ضایعات استفاده شود.

* مدیریت موجودی: هوش مصنوعی می‌تواند در بهینه‌سازی مدیریت جنگل‌ها برای اهداف مختلف، مانند تولید الوار، حفاظت و تفریح استفاده شود. این می‌تواند شامل استفاده از هوش مصنوعی برای تجزیه و تحلیل داده‌ها در مورد مکان، سن و گونه‌های درختان، همچنین در دسترس بودن منابع و تقاضا برای محصولات و خدمات مختلف باشد.

هوش مصنوعی در بیوتکنولوژی کشاورزی

هوش مصنوعی در کشاورزی می‌تواند راه‌حلی برای امنیت غذایی از طریق تطبیق و سازگاری مدیریت سیستم‌های کشاورزی با تغییرات آب‌وهوایی ارائه دهد، حاصل شناسایی محصولات مقاومی است که نسبت به تغییرات محیط‌زیست نظیر خشک‌سالی انعطاف‌پذیرتر هستند و بر حفظ عملکرد محصولات تحت تنش‌های غیرزیستی از طریق افزایش بهره‌وری آنها تأثیر می‌گذارد. هوش مصنوعی همراه با سنسورهای چندکاناله کم‌هزینه، همچنین سنجش از راه دور برای جمع‌آوری داده‌های بزرگ که نیازمند زیرساخت‌هایی با امنیت داده است، کاربرد زیادی در این حوزه دارد (Holzinger et al., 2021b). این فناوری‌ها همچنین می‌توانند برای شناسایی فنوتیپ‌های جدید محصولات زراعی، که در استفاده از منابع کارآمدتر

هستند و در برابر شرایط آب‌وهوایی متغیر مقاومت بالایی دارند، استفاده شوند (Fiorani and Schurr 2013). ذکر این نکته لازم است که در موضوع مبارزه علیه عوامل بیماری‌زا، گاهی تغییر اقلیم نیز همراه با افزایش فشار همین عوامل بوده است و برای افزایش پایداری سیستم‌های کشاورزی، تلفیق داده‌های مربوط به مکانیسم‌های طبیعی مقاومت گیاه در خویشاوندان وحشی و تفسیر آن با الگوریتم‌های مناسب هوش مصنوعی، می‌تواند از شدت و وسعت مشکل بکاهد (Holzinger et al., 2023).

استفاده از ابزارهای زیست‌شناسی مولکولی، به‌ویژه دستکاری ژنتیکی DNA برای بهبود صفات حیوانی یا گیاهی، اصلاح مولکولی نامیده می‌شود. این ابزارها شامل انتخاب به کمک نشانگر مولکولی و دستکاری ژن یا مهندسی ژنتیک است (Ribaut et al., 2010). فن کشت بافت گیاهی نیز یک فن مفید برای تکثیر گیاه در مقیاس تجاری است که در سال‌های اخیر برای ۱) تولید سریع گیاهان خارج از فصل، ۲) تولید ارقام متحمل (گرما، خشک‌سالی، شوری)، ۳) تولید گیاهان مقاوم به بیماری، ۴) برای حفاظت از گونه‌های در حال انقراض و ۵) ایجاد تنوع استفاده می‌شود. استفاده ترکیبی از کشت بافت با هوش مصنوعی و سایر الگوریتم‌های بهینه‌سازی به‌عنوان زمینه‌ای از فناوری برای بهینه‌سازی تولید معرفی شده است (Hesami and Jones, 2020) به‌طوری‌که یک مرکز دیجیتال مبتنی بر هوش مصنوعی می‌تواند بر توسعه ابزارها و الگوریتم‌هایی برای اندازه‌گیری و پردازش بهتر داده‌های اکوسیستم کشاورزی براساس تعامل میکروارگانیسم‌ها، گیاهان و حیوانات و بازخورد به انسان و سلامت آنها تمرکز کند.

هوش مصنوعی در بیوانفورماتیک

استفاده از هوش مصنوعی در قالب گرایش بیوانفورماتیک، بسیار گسترده در بیوتکنولوژی و کارهای مولکولی در دنیا استفاده شده و دانشی است که روزبه‌روز با پیشرفت نرم‌افزارها رشد می‌کند. در پژوهشگاه‌ها، پژوهشکده‌ها و دانشگاه‌های کشور نیز بدین منظور جهت استفاده از کلان‌داده و انجام آنالیزها از سرور با حافظه داخلی و فضای نگهداری بالا استفاده می‌شود. استقرار سرور قدرتمند یکی از ملزومات توسعه این علم و ابزار در حوزه زیست‌شناسی است.

هوش مصنوعی در تخمین جایگاه و عملکرد ژن

در بیوانفورماتیک، فرایند تعیین موقعیت ناحیه‌ای از DNA که ژن را رمزگذاری می‌کند، معمولاً «پیش‌بینی ژن» (Gene Prediction) یا «کشف ژن» (Gene Finding) نامیده می‌شود. فرایند کشف ژن شامل ترکیبی از جستجوهای «ژنوم» (Genome) هدف برای توالی‌هایی که مشابه با شواهد بیرونی هستند، مورد جستجو قرار می‌گیرد. این کار باید به‌صورت توالی‌های رمزگذاری ژن شناخته شده، که پیش‌تر کشف و برچسب‌گذاری شده‌اند، انجام شود. اگرچه، با توجه به هزینه و دشواری که این فرایند دارد، در مرحله بعدی جستجوهای تخصصی دیگری برای کسب اطلاعات

میکروآرایه‌ها برای گردآوری و سنجش خودکار سطح بیان ژن در اندامگان استفاده می‌شوند. بیان ژن فرایندی است که طی آن اطلاعات یک ژن در سنتز محصول کارکردی ژن مورد استفاده قرار می‌گیرد. محصول کارکردی ژن معمولاً یک پروتئین یا در زمینه کدگذاری غیرپروتئینی یک RNA (Ribonucleic Acid) کارکردی است. یادگیری ماشین معمولاً در تحلیل‌ها، تعیین الگو و دسته‌بندی بیان ژن استفاده می‌شود.

ویرایش ژنوم

با پیش‌بینی اثربخشی و ویژگی توالی‌های RNA، الگوریتم‌های هوش مصنوعی به طراحی اهداف CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) کمک می‌کنند. این الگوریتم‌ها زمینه ژنومی و اثرهای خارج از هدف را برای شناسایی توالی‌های RNA راهنما، که احتمال بیشتری برای دستیابی به نتایج ویرایش ژن هدفمند دارند و درعین حال کمترین میزان اثرهای خارج از هدف را به وجود می‌آورند، بررسی می‌کنند. طراحی هدف CRISPR مبتنی بر هوش مصنوعی، میزان موفقیت آزمایش‌های ویرایش ژن را افزایش و درعین حال خطر عواقب ناخواسته را کاهش داده است. استفاده از هوش مصنوعی برای تجزیه و تحلیل نمایشگرهای CRISPR در سطح ژنوم، پژوهشگران را قادر می‌سازد تا فعالیت هزاران ژن را

دقیق‌تر انجام می‌شود تا با اطمینان بیشتری در تحقیقات و تفسیر نتایج، مورد استفاده قرار گیرد. این مدل‌های پیش‌بینی به‌طور سیستماتیک، DNA ژنومیک را برای ژن‌های هدف جستجو می‌کنند. این الگوریتم‌ها برای انجام پیش‌بینی، ترکیبی از سیگنال‌ها، توالی‌های خاص، محتوا و مشخصات آماری را به کار می‌گیرند. در حال حاضر، مدل‌های یادگیری ماشین و «یادگیری عمیق» (Deep Learning) متعددی در این حوزه توسعه پیدا کرده‌اند.

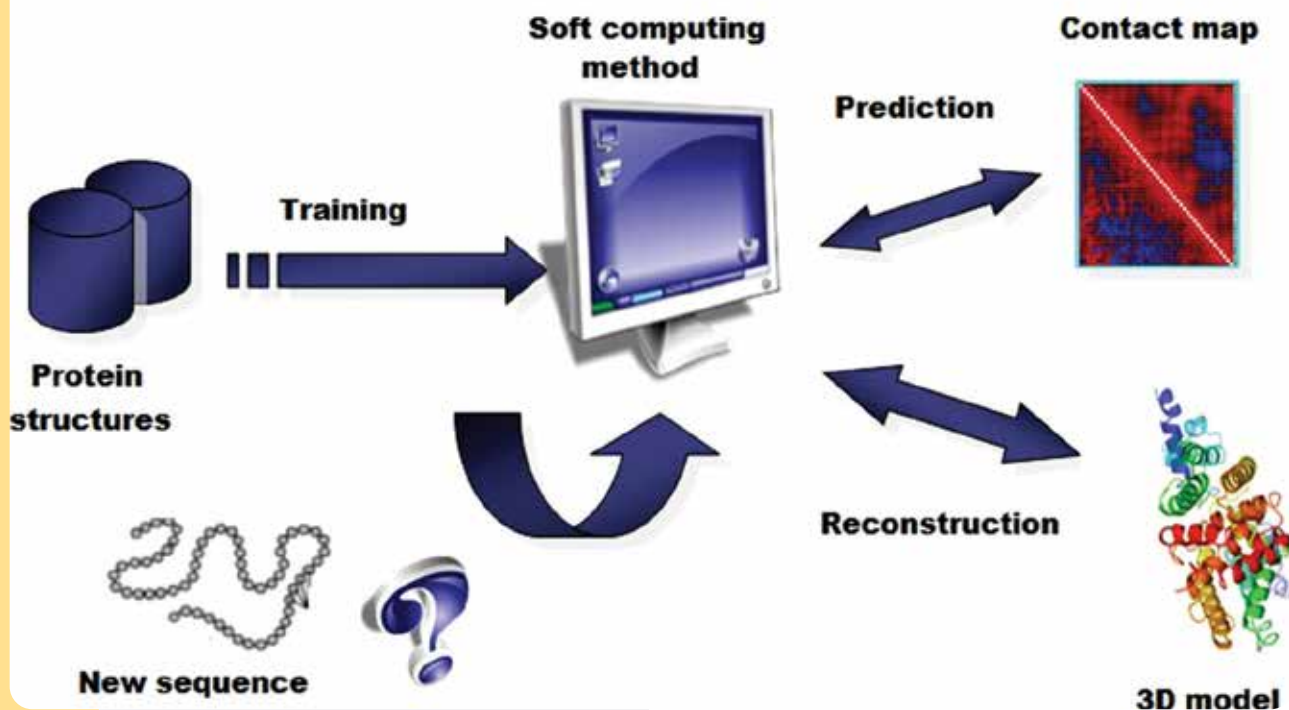
هوش مصنوعی در گروه‌بندی پروتئین‌ها

با پیشرفت‌های اخیر در میکروسکوپ‌های توان بالا، تصاویر سلولی سریع‌تر از هر گروه تحقیقاتی انسانی قابل تحلیل و دسته‌بندی هستند. در نتیجه، مدل‌های یادگیری ماشین با دسته‌بندی الگوهای پروتئین در سلول‌های انسان از طریق روش‌های یادگیری ماشین متعدد پیشگام هستند. در شرکت هوش مصنوعی «آپتیمای‌آی» (Optima AI) روی توسعه مدل دسته‌بندی پروتئینی کار می‌شود که دسته‌بندی‌های چندکلاسی را براساس تصاویر سلولی تولیدشده به‌وسیله میکروسکوپ‌های توان بالا انجام می‌دهد.

هوش مصنوعی و تحلیل بیان ژن

میکروآرایه‌های DNA (Lab-on-a-Chip)، در واقع مجموعه‌ای از نقاط DNA هستند که به یک سطح جامد متصل شده‌اند.

Protein structure prediction (PSP)



شکل ۲- جایگاه هوش مصنوعی و یادگیری ماشین در پیش‌بینی ساختار و عملکرد پروتئین (Márquez-Chamorro et al., 2015)

و پیش‌بینی برهم‌کنش دارو و پروتئین کمک می‌کند (Shah et al., 2019).

هوش مصنوعی و نسل جدید توالی‌یابی

هوش مصنوعی و نسل جدید توالی‌یابی (Next-Generation Sequencing/ NGS) دو فناوری پیشرفته هستند که تحولی در ژنتیک و تحقیقات زیست‌پزشکی ایجاد کرده‌اند. NGS که به‌عنوان توالی‌یابی با توان بالا نیز شناخته می‌شود، توالی‌یابی سریع و کم‌هزینه مولکول‌های DNA و RNA را امکان‌پذیر می‌کند. برعکس، هوش مصنوعی به لطف یادگیری ماشینی و الگوریتم‌های یادگیری عمیق، پتانسیل تجزیه و تحلیل و تفسیر داده‌های ژنتیکی را در مقیاس بزرگ با سرعت و دقت بی‌نظیر دارد. حجم عظیمی از داده‌های ژنتیکی توسط NGS تولید می‌شود که ارزیابی دستی آن ممکن است دلهره‌آور باشد. الگوریتم‌های هوش مصنوعی، به‌ویژه مدل‌های یادگیری ماشینی، می‌توانند به‌سرعت این داده‌های عظیم را پردازش و تجزیه و تحلیل کنند و تغییرات ژنتیکی، جهش‌ها و ژن‌های احتمالی بیماری‌زا را شناسایی کنند. سیستم‌های مجهز به هوش مصنوعی می‌توانند به‌سرعت انواع ژنومی را حاشیه‌نویسی و اولویت‌بندی کنند، زمان تفسیر داده‌ها را کاهش دهند و تحقیقات ژنومی را تسریع کنند (Johnson et al., 2022). هوش مصنوعی و NGS رویکردهای پزشکی دقیق بسیار پیشرفته‌ای دارند. الگوریتم‌های هوش مصنوعی می‌توانند داده‌های ژنتیکی هر بیمار را برای یافتن جهش‌ها یا نشانگرهای زیستی خاصی که ممکن است بر خطر بیماری و پاسخ دارویی تأثیر بگذارند، تجزیه و تحلیل کنند. با این رویکرد فردی، انکولوژیست‌ها می‌توانند تاکتیک‌های درمانی را تطبیق دهند و درمان‌هایی را انتخاب کنند که به احتمال زیاد برای مشخصات ژنتیکی یک بیمار مفید است.

NGS داده‌های توالی‌یابی خام را برای یافتن تغییرات ژنومی قابل توجه از این داده‌ها، که گامی حیاتی در تحقیقات ژنومیک است، تأمین می‌کند. الگوریتم‌های فراخوانی متغیر مبتنی بر هوش مصنوعی می‌توانند جهش‌های ژنتیکی و تفاوت‌های ساختاری را با دقت بیشتری شناسایی کنند و حساسیت و ویژگی شناسایی انواع آنها را افزایش دهند. علاوه بر این، هوش مصنوعی می‌تواند با ارجاع متقابل پایگاه‌های اطلاعاتی و اطلاعات ژنومی، تفاسیر و راهکارهای ارزشمند بالینی را ارائه کند (Johnson et al., 2022; Kallem, 2012).

هوش مصنوعی و NGS ژنومیک سرطان را دگرگون کرده‌اند و کشف نشانگرهای زیستی سرطان و اهداف درمانی جدید را ممکن ساخته‌اند. الگوریتم‌های هوش مصنوعی می‌توانند داده‌های ژنومی تومور را برای جهش‌های محرک و مسیرهای غیرمعمولی که منجر به رشد و پیشرفت سرطان می‌شوند، استخراج کنند. این داده‌ها به توسعه درمان‌های هدفمند و رژیم‌های درمانی فردی برای بیماران سرطانی کمک می‌کند. یادگیری عمیق و سایر الگوریتم‌های مبتنی بر هوش مصنوعی به تفسیر داده‌های بیان ژن به‌دست‌آمده

به‌صورت موازی ارزیابی کنند (Kumar and Saha, 2022). این روش‌های غربالگری به شناسایی ژن‌های دخیل در فرایندهای بیولوژیکی خاص، مسیرهای بیماری و واکنش‌های دارویی کمک می‌کنند. مجموعه داده‌های گسترده تولیدشده توسط الگوریتم‌های هوش مصنوعی تجزیه و تحلیل می‌شوند و امکان شناسایی اهداف درمانی و کشف عملکردهای ژنی جدید را فراهم می‌کنند. یکی از مهمترین نگرانی‌های فناوری CRISPR، احتمال بروز عواقب خارج از هدف است که در آن توالی‌های DNA ممکن است ناخواسته اصلاح شوند. الگوریتم‌های هوش مصنوعی برای پیش‌بینی و کاهش پیامدهای خارج از هدف برای بهبود ایمنی و دقت ویرایش ژن مبتنی بر CRISPR ایجاد شده‌اند. انتقال مؤثر جزو CRISPR به سلول‌های هدف برای ویرایش موفق ژن ضروری است. هوش مصنوعی فن‌های توزیع را بهینه و اجزای CRIS-PR به‌طور مؤثر و ایمن را تضمین می‌کند (Levin et al., 2020).

کشف و توسعه دارو

هوش مصنوعی به‌عنوان یک نیروی مخرب در کشف و توسعه دارو به روش‌های قبلی ظاهر می‌شود، این روش‌ها را مختل می‌کند و تحویل داروهای جدید را به بازار سرعت می‌بخشد. هوش مصنوعی به‌دلیل ظرفیت آن در اسکن مجموعه داده‌های بزرگ، تشخیص روندها و پیش‌بینی‌های مبتنی بر داده، به ابزاری قدرتمند برای کشف نامزدهای احتمالی دارو، بهینه‌سازی طراحی دارو و پیش‌بینی سمیت دارو تبدیل شده است (Massabni and da Silva 2019). الگوریتم‌های هوش مصنوعی مجموعه‌های داده‌های بیولوژیکی و شیمیایی عظیم را برای شناسایی و اعتبارسنجی اهداف درمانی جدید بررسی می‌کنند و می‌توانند با بررسی مسیرهای بیولوژیکی، ساختارهای پروتئینی و اطلاعات ژنتیکی، مواد شیمیایی یا پروتئین‌های خاصی را که برای توسعه بیماری‌های حیاتی هستند، شناسایی کنند (Dabdoub et al., 2022).

این روش مراحل اولیه کشف دارو را با تمرکز منابع تحقیقاتی روی نامزدهای امیدوارکننده سرعت می‌بخشد. روش‌های غربالگری سنتی دارو مستلزم آزمایش‌های آزمایشگاهی طولانی و پرهزینه است. غربالگری دارویی مجازی مبتنی بر هوش مصنوعی با شبیه‌سازی تعاملات بین نامزدهای دارویی احتمالی و پروتئین‌های هدف، روند را سرعت می‌بخشد. این غربالگری مجازی به شناسایی ترکیبات با میل پیوندی بالا به هدف کمک می‌کند و امکان کشف سرنخ‌های درمانی پایدار را افزایش می‌دهد. هوش مصنوعی همچنین، به توسعه ترکیبات جدید با کیفیت‌های مطلوب، بهینه‌سازی ساختارهای دارویی



- 149-56. DOI: doi.org/10.31033/ijrasb.9.3.26
- Levin, J.M., Oprea, T.I., Davidovich, S., Clozel, T., Overington, J.P., Vanhaelen, Q., Cantor, C.R., Bischof, E. and Zhavoronkov, A., 2020. Artificial intelligence, drug repurposing and peer review, *Nature Biotechnology*, 38: 1127-31. DOI: doi.org/10.1038/s41587-020-0686-x
- Márquez-Chamorro, A.E., Asencio-Cortés, G., Santiesteban-Toca, C.E. and Aguilar-Ruiz, J.S., 2015. Soft computing methods for the prediction of protein tertiary structures: A survey. *Applied Soft Computing*, 35: 398-410. DOI: doi.org/10.1016/j.asoc.2015.06.024
- Massabni, A.C. and da Silva, G.J., 2019. Biotechnology and Industry 4.0: The professionals of the future. *International Journal of Advances in Medical Biotechnology-IJAMB*, 2: 45-53. doi.org/10.25061/2595-3931/IJAMB/2019.v2i2.39
- Melkozernov, A.N. and Sorensen, V., 2021. What drives bio-art in the twenty-first century? Sources of innovations and cultural implications in bio-art/biodesign and biotechnology. *AI & SOCIETY*, 36: 1313-21. DOI: doi.org/10.1007/s00146-020-00940-0
- Nothdurft, A., Gollob, C., Kraßnitzer, R., Erber, G., Ritter, T., Stampfer, K. and Finley, A.O., 2021. Estimating timber volume loss due to storm damage in Carinthia, Austria, using ALS/TLS and spatial regression models. *Forest Ecology and Management*, 502, p.119714. DOI: doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119714
- Holzinger, A., Saranti, A., Angerschmid, A., Retzlaff, C.O., Gronauer, A., Pejakovic, V., Medel-Jimenez, F., Krexner, T., Gollob, C. and Stampfer, K., 2022. Digital transformation in smart farm and forest operations needs human-centered AI: challenges and future directions. *Sensors*, 22(8), p.3043. DOI: doi.org/10.3390/s22083043
- Quazi, S. 2022. 'Artificial intelligence and machine learning in precision and genomic medicine', *Medical Oncology*, 39: 120. DOI: doi.org/10.1007/s12032-022-01711-1
- Ribaut, J.M., De Vicente, M.C. and Delannay, X., 2010. Molecular breeding in developing countries: challenges and perspectives. *Current opinion in plant biology*, 13(2), pp.213-218. DOI: doi.org/10.1016/j.pbi.2009.12.011
- Shah, P., Kendall, F., Khozin, S., Goosen, R., Hu, J., Laramie, J., Ringel, M. and Schork, N., 2019. Artificial intelligence and machine learning in clinical development: a translational perspective. *NPJ digital medicine*, 2(1), p.69. DOI: doi.org/10.1038/s41746-019-0148-3

توسط فناوری NGS کمک می‌کند. این الگوریتم‌ها می‌توانند شبکه‌های پیچیده تنظیم ژن را، رمزگشایی، الگوهای بیان مشترک را، شناسایی و عملکرد ژن را پیش‌بینی کنند. هوش مصنوعی با یکپارچه‌سازی داده‌های omics (ژنومیک، رونویسی، پروتئومیکس و غیره)، امکان درک جامع فرایندهای بیولوژیکی و مکانیسم‌های بیماری را فراهم می‌کند (Melkozernov and Sorensen, 2021).

منابع

- Dabdoub, F., Colangelo, M. and AlJumah, M., 2022. Artificial intelligence in healthcare and biotechnology: a review of the Saudi experience. *Journal of Artificial Intelligence & Cloud Computing*, 107: 2-6. DOI: doi.org/10.47363/JAICC/2022(1)107
- Fenning, T.M. and Gershenzon, J., 2002. Where will the wood come from? Plantation forests and the role of biotechnology. *Trends in Biotechnology*, 20: 291-96. DOI: 10.1016/S0167-7799(02)01983-2
- Fetzer, J.H. 1990. What is Artificial Intelligence?. In: *Artificial Intelligence: Its Scope and Limits*. Studies in Cognitive Systems, vol 4. Springer, Dordrecht. DOI: doi.org/10.1007/978-94-009-1900-6_1
- Fiorani, F. and Schurr, U., 2013. Future scenarios for plant phenotyping. *Annual review of plant biology*, 64: 267-91. DOI: doi.org/10.1146/annurev-arplant-050312-120137
- Hesami, M. and Jones, A.M.P., 2020. Application of artificial intelligence models and optimization algorithms in plant cell and tissue culture. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 104: 9449-85. DOI: doi.org/10.1007/s00253-020-10888-2
- Holmes, J., Sacchi, L. and Bellazzi, R., 2004. Artificial intelligence in medicine. *The Annals of The Royal College of Surgeons of England Home*, 86: 334-8. DOI: doi.org/10.1308/147870804290
- Holzinger, A., Saranti, A. and Mueller, H., 2021a. KANDINSKY Patterns--An experimental exploration environment for Pattern Analysis and Machine Intelligence. *arXiv*. DOI: doi.org/10.48550/arXiv.2103.00519
- Holzinger, A., Weippl, E., Tjoa, A.M. and Kieseberg, P., 2021b, August. Digital transformation for sustainable development goals (sdgs)-a security, safety and privacy perspective on ai. In *International cross-domain conference for machine learning and knowledge extraction*, 1-20. Springer. DOI: doi.org/10.1007/978-3-030-84060-0_1
- Holzinger, A., Keiblinger, K., Holub, P., Zatloukal, K. and Müller, H., 2023. AI for life: Trends in artificial intelligence for biotechnology. *New Biotechnology*, 74, pp.16-24. DOI: doi.org/10.1016/j.nbt.2023.02.001
- Johnson, P.C., Laurell, C., Ots, M. and Sandström, C., 2022. Digital innovation and the effects of artificial intelligence on firms' research and development--Automation or augmentation, exploration or exploitation?. *Technological Forecasting and Social Change*, 179: 121636. DOI: doi.org/10.1016/j.techfore.2022.121636
- Kallem, S.R., 2012. Artificial intelligence algorithms. *IOSR Journal of Computer Engineering*, 6(3), pp.1-8.
- Kumar, R. and Saha, P., 2022. A review on artificial intelligence and machine learning to improve cancer management and drug discovery. *International Journal for Research in Applied Sciences and Biotechnology*, 9: