

کاربرد هوش مصنوعی در کنترل و مدیریت انگل‌های بیماری‌زای انسانی: مرور کوتاه بر وضعیت فعلی و چشم‌انداز آینده

مریم شفاعتی^۱، غلامرضا حسن پور^{۲*}

۱. دکتری تخصصی، مرکز تحقیقات مقاومت میکروبی و مدیریت مصرف آنتی بیوتیک‌ها، مجتمع بیمارستانی امام خمینی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

۲. دانشیار، مرکز تحقیقات انگل‌های بومی ایران، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

• نویسنده رابط: hassanpour@tums.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۹/۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۹/۲۸

چکیده

زمینه و هدف: بیماری‌های انگلی انسانی - شامل تک‌یاخته‌ها، کرم‌ها و بندپایان - همچنان یکی از تهدیدهای جدی برای سلامت عمومی به شمار می‌روند و تشخیص سریع و دقیق آنها از اهمیت حیاتی برخوردار است. روش‌های تشخیصی مرسوم، مانند میکروسکوپی، آزمون‌های سرولوژیک و روش‌های مولکولی، با محدودیت‌هایی نظیر خطای انسانی، هزینه‌های بالا و نیاز به تجهیزات پیشرفته مواجه‌اند. در سال‌های اخیر، ظهور فناوری‌های هوش مصنوعی و یادگیری عمیق فرصت‌های نوینی را برای ارتقای دقت، سرعت و کارآمدی در کنترل و مدیریت بیماری‌های انگلی فراهم کرده است.

روش کار: این مطالعه به صورت مروری کوتاه انجام شد و مقالات مرتبط با کاربرد هوش مصنوعی و یادگیری عمیق در انگل‌شناسی بالینی مورد بررسی و تحلیل قرار گرفت.

نتایج: یافته‌ها نشان داد که این فناوری‌ها در سه حوزه اصلی کاربرد دارند: پیش‌بینی شیوع بیماری‌های انگلی، کشف داروهای ضد انگلی و تشخیص بیماری‌های انگلی. الگوریتم‌های شبکه عصبی کانولوشنی و مدل‌های یادگیری فعال امکان تحلیل تصاویر میکروسکوپی، پیش‌بینی اپیدمی‌ها، شناسایی اهداف دارویی و بهینه‌سازی درمان‌ها را با دقت بالا فراهم می‌کنند. با این حال، چالش‌هایی مانند محدودیت داده‌ها، سوگیری الگوریتم‌ها، ملاحظات اخلاقی و کمبود زیرساخت فنی هنوز باقی است.

نتیجه‌گیری: ادغام هوش مصنوعی با سیستم‌های بالینی، ایجاد پایگاه داده‌های جامع و استفاده از یادگیری انتقالی، می‌تواند دقت، سرعت و تعمیم‌پذیری الگوریتم‌ها را بهبود بخشد. این مقاله مروری کوتاه، وضعیت فعلی، چالش‌ها و چشم‌انداز آینده کاربرد هوش مصنوعی در انگل‌شناسی بالینی را بررسی می‌کند و راهکارهایی برای توسعه ابزارهای نوین و مقرون به صرفه ارائه می‌دهد. واژگان کلیدی: هوش مصنوعی، یادگیری عمیق، بیماری‌های انگلی انسانی، تشخیص، پیش‌بینی، کشف دارو

مقدمه

Arthropods) هستند، یکی از مهم‌ترین عوامل بیماری‌های عفونی در جهان محسوب می‌شوند و سالانه میلیون‌ها نفر را مبتلا می‌سازند. (اول): پروتوزوآها، تک‌یاخته‌هایی می‌باشند

اهمیت کنترل و مدیریت انگل‌های بیماری‌زای انسانی و چالش‌های فعلی: انگل‌های بیماری‌زای انسانی که شامل تک‌یاخته‌ها (Protozoa)، کرم‌ها (Helminths) و بندپایان

حیاتی در درمان به موقع، کنترل انتقال و پیشگیری از اپیدمی های منطقه ای دارد. با این حال، روش های تشخیصی متداول شامل بررسی میکروسکوپی مستقیم، آزمون های سرولوژیک و روش های مولکولی مانند واکنش زنجیره ای پلیمرز Polymerase Chain Reaction (PCR) هرچند ارزشمندند، اما محدودیت های قابل توجهی دارند. بررسی میکروسکوپی مستلزم صرف زمان زیاد و وابستگی بالا به مهارت متخصص است و احتمال بروز خطای انسانی را در پی دارد. آزمون های سرولوژیک نیز گاه با حساسیت و ویژگی پایین همراه بوده و امکان واکنش های متقاطع را دارند. روش های مولکولی اگرچه دقت بالایی دارند، اما به دلیل هزینه بالا و نیاز به تجهیزات پیشرفته، اجرای گسترده آنها در محیط های با منابع محدود دشوار است (۴).

این چالش ها ضرورت توسعه ابزارهای نوین تشخیصی را برجسته می سازد. ابزارهایی که علاوه بر افزایش دقت و سرعت، مقرون به صرفه، مقیاس پذیر و قابل استفاده در شرایط مختلف باشند. در سال های اخیر، ظهور فناوری های هوش مصنوعی Artificial Intelligence (AI) و به ویژه مدل های یادگیری عمیق Deep Learning (DL)، افق های تازه ای در حوزه انگل شناسی و تشخیص بیماری های انگلی گشوده است. یکی از رویکردهای نوین در این زمینه، استفاده از یادگیری فعال (Active Learning) است که با انتخاب هوشمندانه تعداد محدودی از نمونه ها برای برچسب گذاری توسط متخصص، امکان آموزش یک طبقه بندی دقیق را فراهم می سازد. این رویکرد علاوه بر افزایش سرعت و دقت تشخیص، قادر است با حجم عظیم داده های تصویری و وجود ناخالصی های فراوان نیز مقابله کند (۵). بنابراین، بهره گیری از هوش مصنوعی و الگوریتم های پیشرفته یادگیری ماشین می تواند آینده ای نویدبخش برای توسعه روش های سریع، دقیق و مقرون به صرفه در تشخیص انگل های انسانی رقم بزند. هدف از این مقاله مروری کوتاه، ارائه یک دیدگاه جامع درباره نقش مدل های هوش مصنوعی در تشخیص بیماری های انگلی

که می توانند در خون، روده و سایر بافت ها عفونت ایجاد کنند مانند *Plasmodium* (عامل مالاریا)، *Entamoeba histolytica* (آمییباز) *Giardia lamblia* (لشمانیوز)، *Toxoplasma gondii* (توکسوپلاسموز) و *Leishmania* spp. (لشمانیوز) از جمله عوامل عفونت های شایع انسانی اند. (دوم): هلمینت ها یا کرم های انگلی چند سلولی به سه دسته کلی تقسیم می شوند: نماتودها یا کرم های گرد مانند *Ascaris lumbricoides*، ترماتودها مانند *Schistosoma* spp. و سستودها یا کرم های نواری مانند *Taenia* spp. و (سوم): آرتروپودها هم به عنوان ناقل (مانند پشه آنوفل) یا عامل مستقیم بیماری مانند *Sarcoptes scabiei* نقش آفرینی می کنند (۲،۱).

این دسته از بیماری ها عمدتاً در مناطق گرم و مرطوب گرمسیری، نیمه گرمسیری و معتدل شایع اند و به ویژه در کشورهای در حال توسعه تهدید جدی برای سلامت عمومی و حیات انسان به شمار می روند. بر اساس برنامه ویژه بیماری های گرمسیری که به طور مشترک توسط یونسف، برنامه توسعه سازمان ملل United Nations Development Program (UNDP)، بانک جهانی و سازمان جهانی بهداشت World Health Organization (WHO) طراحی شده است، از میان ده بیماری مهم گرمسیری در جهان، هفت مورد مربوط به بیماری های انگلی هستند. از جمله مالاریا، شistosومیازیس، فیلاریازیس لنگاوی، انکوسرسیازیس، لیشمانیوزیس، تریپانوزومیازیس آفریقایی و بیماری شاگاس (۳).

با وجود پیشرفت های چشمگیر در کنترل برخی بیماری های انگلی، تغییرات اقلیمی، افزایش جابجایی جمعیت و ضعف سیستم ایمنی ناشی از شرایطی مانند ایدز و پیوند اعضا، باعث افزایش اهمیت انگل های فرصت طلب شده است. همچنین گرمایش جهانی با گسترش زیستگاه ناقل ها، خطر بروز و شیوع بیماری های انگلی جدید را افزایش داده است. در چنین شرایطی، تشخیص دقیق و سریع این عفونت ها نقش

انسانی، تحلیل روش‌های موجود، بررسی کاربردها و فرصت‌های تحقیقاتی آینده در این حوزه است.

۱. کاربرد مدل‌های هوش مصنوعی در بیماری‌های انگلی انسانی: بخش مراقبت‌های بهداشتی همواره اولویت خود را بر پاسخ به بیماری‌های عفونی و مدیریت آن‌ها قرار داده است. تجربیات بشر از پاندمی‌ها، از جمله پاندمی اخیر کووید-۱۹، بر ضرورت ایجاد یک اکوسیستم مراقبت بهداشتی مقاوم‌تر تأکید کرده است (۶). این موضوع با تهدیدات رو به رشد بیماری‌های نوپدید و بازپدید عفونی، اهمیت بیشتری یافته است. در میان عوامل بیولوژیکی تهدیدزا، عفونت‌های انگلی جایگاه بالاتری دارند. اگرچه پیش‌تر این انگل‌ها چالشی برای کشورهای کم‌منابع محسوب می‌شدند، اما اکنون با تغییرات اقلیمی سازگار شده‌اند. تغییرات اقلیمی بر قابلیت انتقال ناقل‌ها تأثیر گذاشته و ظهور انگل‌های زئونوتیک را در مناطق جدید تسهیل کرده است، که تهدید قابل توجه‌تری برای سلامت عمومی ایجاد می‌کند. در چنین شرایطی، نوآوری‌ها و مداخلات پاسخگو و مقاوم در حوزه سلامت، به‌موقع و ضروری هستند (۷).

در این راستا، هوش مصنوعی توانایی ماشین‌ها را در انجام وظایفی فراهم می‌کند که معمولاً نیازمند هوش انسانی هستند، مانند تشخیص و تصمیم‌گیری، و در مراقبت‌های بهداشتی برای پیش‌بینی بیماری، کشف دارو و تشخیص بیماری‌ها کاربرد دارد. زیرمجموعه هوش مصنوعی، یعنی یادگیری ماشین (Machine Learning (ML)، الگوریتم‌ها را قادر می‌سازد تا از داده‌ها یاد بگیرند و پیش‌بینی کنند. یادگیری عمیق نوعی یادگیری ماشین است که با استفاده از شبکه‌های عصبی با لایه‌های متعدد، ویژگی‌های پیچیده داده‌ها را استخراج می‌کند. از جمله ابزارهای پرکاربرد یادگیری عمیق، شبکه عصبی کانولوشنی (Convolutional Neural Network CNN) است که برای تحلیل تصاویر پزشکی، به‌خصوص تصاویر میکروسکوپی نمونه‌های مدفوع برای تشخیص انگل‌ها، کاربرد

گسترده‌ای دارد. ادغام این تکنیک‌ها امکان افزایش دقت، سرعت و مقیاس‌پذیری سیستم‌های تشخیص انگل را فراهم می‌کند و موجب تحول در مدیریت بیماری‌های انگلی می‌شود (۹،۸). در سال‌های اخیر، به‌ویژه از اوایل دهه ۲۰۲۰، استفاده از هوش مصنوعی در کنترل و مدیریت بیماری‌های انگلی انسانی گسترش یافته است. هوش مصنوعی در سه حوزه، پیش‌بینی شیوع بیماری‌های انگلی، کشف داروهای ضد انگلی و تشخیص بیماری‌های انگلی پیشگام بوده است (۱۰).

۱-۲. پیش‌بینی شیوع بیماری‌های انگلی: در حوزه پیش‌بینی شیوع بیماری‌های انگلی، مدل‌سازی مبتنی بر هوش مصنوعی و الگوریتم‌های یادگیری ماشین، به‌ویژه شبکه‌های عصبی کانولوشنی، یادگیری عمیق، شبکه‌های عصبی بازگشتی AI recurrent neural network (RNN) و مدل‌های مبتنی بر حافظه بلند مدت-کوتاه مدت (Long Short-Term Memory) توانسته‌اند الگوهای زمانی-مکانی و روندهای اپیدمیولوژیک بروز بیماری‌ها و ارتباط میان عوامل محیطی و بروز بیماری‌ها را شناسایی کنند و مداخلات به‌موقع را برای کاهش انتشار بیماری و حفاظت از سلامت عمومی فراهم نمایند (۱۱). Liu و همکاران (۱۲) با استفاده از داده‌های جستجوی گوگل توانستند اپیدمی آنفلوآنزا در هنگ‌کنگ را با دقت ۷۰٪ پیش‌بینی کنند. رویکرد آنها شامل چند مرحله نوآورانه بود: ابتدا با استفاده از داده‌های جستجوی گوگل، اطلاعات مربوط به رفتار جستجوی کاربران جمع‌آوری و انتخاب شد تا جایگزین ابزار همبستگی گوگل (Google Correlate) شود. سپس با به‌کارگیری روش رمزگذار خودکار چندلایه (SAE-Stacked Autoencoder)، ابعاد داده‌های جستجو کاهش یافت و پس از آن با استفاده از روش تجزیه به مدهای واریاسیونی Variational Mode Decomposition (VMD)، داده‌های اپیدمی آنفلوآنزا به مدهایی با فرکانس‌های مختلف تجزیه شدند تا ویژگی‌های مشخص استخراج شود. در نهایت، شبکه‌های عصبی مصنوعی Artificial Neural Network (ANN) برای پیش‌بینی هر

یک از این مدل‌ها استفاده شد و نتایج نهایی با جمع‌بندی پیش‌بینی‌های هر مدل به دست آمد. نتایج تجربی نشان داد که رویکرد یکپارچه از هر سه روش مذکور به‌طور قابل توجهی از مدل‌های مرجع دیگر در دوره‌های مختلف و فصل‌های شیوع آنفلوآنزا عملکرد بهتری دارد، و حتی عملکرد آن در دوران پاندمی کووید-۱۹ نیز مورد بررسی قرار گرفت. این مطالعه نشان می‌دهد که استفاده از داده‌های جستجوی آنلاین همراه با روش‌های پیشرفته یادگیری ماشین می‌تواند به پیش‌بینی دقیق‌تر اپیدمی‌ها کمک کند.

Laureano-Rosario و همکاران (۱۳) با استفاده از شبکه‌های عصبی مصنوعی توانستند احتمال شیوع تب‌دنگی را در سن‌خوان، پورتوریکو و چندین منطقه ساحلی ایالت یوکاتان در مکزیک پیش‌بینی کنند. مدل‌های پیش‌بینی بر اساس نوزده سال داده‌های تب‌دنگی برای پورتوریکو و شش سال داده برای مکزیک آموزش داده شدند و داده‌های محیطی و جمعیتی شامل دمای سطح دریا، بارش، دمای هوا (حداقل، حداکثر و میانگین)، رطوبت، موارد ابتلا قبلی تب‌دنگی و اندازه جمعیت بود. دو مدل برای هر منطقه مطالعه استفاده شد: یکی نرخ شیوع تب‌دنگی را بر اساس جمعیت در معرض خطر (افراد کمتر از ۲۴ سال) و دیگری بر اساس جمعیت آسیب‌پذیر (افراد کمتر از پنج سال و بیش از ۶۵ سال) پیش‌بینی کرد. قدرت پیش‌بینی برای هر چهار مدل بالای ۷۰٪ بود. مهم‌ترین متغیرها برای پیش‌بینی در سن‌خوان شامل اندازه جمعیت، موارد قبلی تب‌دنگی، حداکثر دمای هوا و تاریخ بودند، در حالی که در یوکاتان مهم‌ترین متغیرها شامل اندازه جمعیت، موارد ابتلا قبلی تب‌دنگی، حداقل دمای هوا و تاریخ بودند.

الگوریتم‌های مبتنی بر شبکه‌های عصبی کانولوشنی برای پیش‌بینی شیوع سه بیماری منتقله توسط ناقل‌ها، شامل چیکونگونیا، مالاریا و تب‌دنگی، با دقت ۸۸٪ به‌کار رفته‌اند، و سایر مدل‌ها برای پیش‌بینی مالاریا و لیشمانیازیس جلدی نیز با در نظر گرفتن داده‌های جوی و ثبت‌شده، مناطق پرخطر را

شناسایی کرده‌اند. برای نمونه، مدل‌های مبتنی بر کامپیوتر را برای تشخیص و در برخی موارد درمان مالاریا بررسی کردند و نشان دادند که کمبود متخصصان پزشکی و تجهیزات، نیاز به توسعه سیستم‌های پیش‌بینی مبتنی بر فناوری اطلاعات را ضروری می‌کند. این مدل‌ها می‌توانند به تشخیص سریع و مدیریت بهتر بیماری کمک کنند (۱۴). در زمینه لیشمانیازیس جلدی، با استفاده از سه الگوریتم یادگیری ماشین شامل درخت تصمیم (Decision Tree)، رگرسیون بردار پشتیبان (Support Vector Regression) و رگرسیون خطی (Linear Regression) و داده‌های محیطی شامل دما، رطوبت، بارندگی، ارتفاع، شیب، سرعت باد، شاخص پوشش گیاهی نرمال شده، تعداد روزهای آفتابی، تعداد روزهای یخبندان و فاصله تا نهر که بر بروز لیشمانیوز تأثیر می‌گذارند و اندازه جمعیت ایجاد شد، نقشه ریسک فضایی بیماری را در استان اصفهان تهیه کردند. دقت پیش‌بینی نقشه‌ها با استفاده از معیار ROC/AUC بین ۰/۹۱۴ تا ۰/۹۵۱ بود و مناطق پرخطر بیماری شناسایی شدند، که این امکان را برای مدیریت هدفمند و پیشگیری از شیوع فراهم می‌کند (۱۵). همچنین، پیش‌بینی شیوع سه بیماری منتقله توسط ناقل‌ها شامل چیکونگونیا، مالاریا و تب‌دنگی با استفاده از شبکه عصبی کانولوشنی انجام شده و داده‌های جمع‌آوری‌شده از هند در سال‌های ۲۰۱۳ تا ۲۰۱۷ برای مدل‌سازی به کار رفته است. دقت پیش‌بینی این مدل حدود ۸۸٪ گزارش شده و نشان می‌دهد که به‌کارگیری الگوریتم‌های یادگیری عمیق و شبکه‌های عصبی می‌تواند ابزاری قدرتمند برای تحلیل داده‌های پزشکی و پیش‌بینی روندهای آینده بیماری‌ها باشد (۱۶).

این مدل‌ها، به‌ویژه در ترکیب با داده‌های محیطی، جمعیتی و ثبت‌شده، قابلیت پیش‌بینی دقیق شیوع بیماری‌ها را افزایش می‌دهند و به سیاست‌گذاران بهداشت عمومی امکان می‌دهند منابع را به‌صورت بهینه تخصیص داده، مداخلات هدفمند را پیش از شیوع گسترده اجرا کنند و مدیریت جمعیت‌های آسیب‌پذیر را بهبود بخشند.

استفاده از تکنیک‌های نوین داده‌کاوی، گردآوری و مدیریت داده‌ها نیز به بهبود الگوریتم‌های مدل‌سازی اخیر کمک شایانی کرده است (۱۹). این رویکرد امکان شناسایی پروتئین‌ها و آنزیم‌های حیاتی برای بقای انگل، پیش‌بینی اثربخشی و ایمنی داروهای بالقوه و بهینه‌سازی طراحی درمان‌های جدید را فراهم کرده و زمان توسعه دارو را به‌طور قابل توجهی کاهش می‌دهد.

نمونه‌هایی مانند LabMol-167 (۲۰)، DeepMalaria (۲۱)، pQSAR Novartis (۲۲) و سیستم Eve (۲۳، ۲۴) نشان داده‌اند که هوش مصنوعی قادر است ترکیبات ضدانگل را با دقت بالا شناسایی کند و فرآیند بازهدف‌گیری داروها را تسریع نماید.

LabMol-167 یک ترکیب شناسایی‌شده با استفاده از رویکرد ترکیبی هوش مصنوعی و مدل‌های یادگیری ماشین است که هدف آن کیناز PK7 در انگل *Plasmodium* است که از غربالگری مجازی شکل-محور (Shape-Based) و مدل‌های یادگیری ماشین برای پیش‌بینی بازدارنده‌های جدید استفاده شد. نتایج آزمایشگاهی نشان داد که LabMol-167 مراحل خون و اسپوروگونی انگل را در مقادیر نانومولار مهار می‌کند و سمیت کمی در سلول‌های پستانداران دارد. این ویژگی‌ها آن را به یک مهارکننده دو هدفه مناسب برای توسعه دارو تبدیل می‌کند و نشان می‌دهد که هوش مصنوعی می‌تواند ترکیباتی با فعالیت چندمرحله‌ای کشف کند (۲۰).

DeepMalaria یک چارچوب مبتنی بر یادگیری عمیق است که فعالیت ضدپلاسمودیالی ترکیبات را پیش‌بینی می‌کند. این مدل با استفاده از داده‌های ۱۳۴۴۶ ترکیب ضدپلاسمودیالی موجود در پایگاه داده‌های GlaxoSmithKline آموزش داده شد و از نمایش گراف‌های مولکول‌ها و تکنیک انتقال یادگیری برای بهبود عملکرد استفاده کرد. این مدل قادر بود ترکیبات فعال را از کتابخانه‌های ترکیبات ماکروسیکل‌یک و داروهای مجاز برای بازهدف‌گیری با دقت بالا شناسایی کند. آزمایش‌های تجربی نشان دادند که برخی ترکیبات مانند DC-

۲-۲. کشف داروهای ضدانگلی: در حوزه کشف داروهای ضدانگلی، فرآیند سنتی توسعه دارو طولانی و پرهزینه است و اغلب بیش از یک دهه طول می‌کشد و بیش از دو میلیارد دلار هزینه دارد. روش‌های سنتی کشف دارو بر محصولات طبیعی متمرکز بود، اما بعدها به سمت سنتز با توان بالا و شیمی ترکیبی تغییر کرد. فناوری‌های نوین مانند آزمایش‌های فوق‌العاده با توان بالا و هوش مصنوعی به‌طور گسترده برای کاهش هزینه و زمان کشف اولیه دارو به کار گرفته شده‌اند، هرچند روند کلی توسعه دارو هنوز نسبتاً بدون تغییر باقی مانده است. با این حال، علی‌رغم اجرای استراتژی‌های موفق، حدود ۹۰٪ پروژه‌های توسعه بالینی دارو شکست می‌خورند. یکی از دلایل اصلی، تمرکز بیش از حد بر قدرت و ویژگی خاص دارو و غفلت از دسترسی و انتخاب‌پذیری دارو در بافت‌های هدف، که می‌تواند انتخاب داروی کاندید شده را گمراه کرده و توازن بین دوز، اثربخشی و سمیت بالینی را تحت تأثیر قرار دهد. روش Exposure/Selectivity- Structure-Tissue Activity Relationship (STAR) برای بهبود بهینه‌سازی دارو و افزایش احتمال موفقیت مطالعات بالینی پیشنهاد شده است (۱۷، ۱۸). هوش مصنوعی با بهره‌گیری از الگوریتم‌های پیشرفته و تحلیل داده‌های ژنومی، پروتئومی و ساختاری، مکانیسم‌های پیچیده بیماری‌های انگلی را شناسایی کرده و اهداف درمانی بالقوه را تعیین می‌کند. به کمک شبکه‌های عصبی مصنوعی و الگوریتم‌های یادگیری عمیق، فرآیند طراحی و کشف دارو مدرن شده و امکان پیش‌بینی اثربخشی و ایمنی داروهای بالقوه فراهم شده است. الگوریتم‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق در مراحل مختلف کشف دارو از جمله سنتز پپتید، غربالگری مجازی بر اساس ساختار و لیگاند، پیش‌بینی سمیت، پایش و آزادسازی دارو، مدل‌سازی فارماکوفور (Pharmacophore Modeling)، رابطه کمی ساختار-فعالیت (Quantitative Structure-Activity Relationship)، بازهدف‌گیری دارو، پلی‌فارماکولوژی و تحلیل فعالیت‌های فیزیکوشیمیایی به کار گرفته شده‌اند.

9237 تمامی مراحل غیرجنسی *Plasmodium falciparum* را مهار کرده و اثر سریع دارند، که آن‌ها را به نامزدهای قوی برای بهینه‌سازی دارویی تبدیل می‌کند (۲۱).

Structure-Activity Relationship (pQSAR) Novartis یک الگوریتم یادگیری ماشین چندوظیفه‌ای و دو مرحله‌ای است که شامل مدل‌های رگرسیون تصادفی برای پیش‌بینی IC_{50} و EC_{50} و سپس مدل‌های جزئی‌ترین مربعات جزئی (Partial Least Squares) برای تحلیل نتایج پیش‌بینی شده است. این الگوریتم روی بیش از ۱۱۸۰۵ آزمایش بیوشیمیایی و سلولی Novartis آموزش داده شد و توانست ۸۵۵۸ مدل موفق با دقت بالا ایجاد کند. این روش می‌تواند برای غربالگری مجازی، طراحی انتخاب‌پذیری دارو، پیش‌بینی سمیت، شناسایی مکانیسم اثر، و بازهدف‌گیری داروها به کار رود و دامنه کاربرد آن تقریباً شامل تمام حوزه‌های بیماری است (۲۲). سیستم Eve یک پلتفرم پیشرفته مبتنی بر هوش مصنوعی و یادگیری ماشین است که برای تسریع کشف داروهای جدید در بیماری‌های گرمسیری کمتر مورد توجه طراحی شده است. این بیماری‌ها، مانند لیشمانیازیس، مالاریا و سایر انگل‌های محلی، در کشورهای با منابع محدود شیوع دارند و اغلب کمتر مورد توجه صنایع دارویی بزرگ قرار گرفته‌اند. یکی از چالش‌های اصلی در توسعه دارو برای این بیماری‌ها، کمبود داده‌های آزمایشگاهی، محدودیت منابع مالی و طولانی بودن فرآیند کشف دارو است. Eve با بهره‌گیری از پایگاه‌های داده بزرگ شامل داده‌های ژنومی، پروتئومی، ساختاری و فعالیت‌های زیستی ترکیبات شیمیایی، قادر است اطلاعات پراکنده و پیچیده را یکپارچه کرده و الگوهای موثر برای شناسایی ترکیبات فعال استخراج کند. این سیستم از الگوریتم‌های پیشرفته یادگیری ماشین و یادگیری عمیق استفاده می‌کند تا فعالیت زیستی هر ترکیب شیمیایی را پیش‌بینی کرده و آن را بر اساس پتانسیل ضدانگلی یا ضدباکتریایی رتبه‌بندی نماید. مزیت اصلی این سیستم، سرعت و دقت بالا در کشف

داروهای جدید است. در روش‌های سنتی، شناسایی ترکیبات فعال ممکن است سال‌ها طول بکشد و هزینه بالایی داشته باشد، اما Eve با استفاده از مدل‌های پیش‌بینی هوشمند، می‌تواند در مدت کوتاهی ترکیبات بالقوه را اولویت‌بندی کند. علاوه بر این، سیستم امکان بازهدف‌گیری داروها (Drug Repurposing) را نیز فراهم می‌کند، یعنی داروهای موجود که برای بیماری‌های دیگر توسعه یافته‌اند، می‌توانند با کمک Eve بررسی شوند تا مشخص شود آیا برای درمان بیماری‌های کمتر مورد توجه نیز مؤثر هستند یا خیر (۲۳، ۲۴).

برای تریپانوزومیازیس می‌توان به کارکرد AlphaFold اشاره کرد که از یک سیستم هوش مصنوعی توسعه‌یافته توسط DeepMind که از یادگیری عمیق برای پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی پروتئین‌ها از توالی آمینو اسید استفاده می‌کند. این سیستم، با دقتی در سطح روش‌های تجربی، قادر است ساختار پروتئین‌های هدف را حتی زمانی که داده‌های ساختاری آزمایشگاهی در دسترس نیست فراهم کند، و بنابراین می‌تواند به محققان کمک کند تا اهداف دارویی جدید را کشف، ساختارهای هدف را درک و مسیرهای اتصال دارو-پروتئین را مدل‌سازی کنند. همه این مراحل، گام‌های مهم در طراحی داروهای ضدانگلی و سایر درمان‌ها به شمار می‌روند. چنین پیش‌بینی‌هایی به‌ویژه در انگل‌هایی مانند *Trypanosoma cruzi* که ساختارهای بسیاری از پروتئین‌هایشان تاکنون تعیین نشده بود، به توسعه شبیه‌سازی‌های *in silico* برای غربالگری مجازی و پیشنهاد اهداف دارویی کمک کرده‌اند (۲۵). یکی از مشکلات اصلی در کشف داروی هدفمند برای *Trypanosoma cruzi*، کمبود ساختارهای سه‌بعدی شناخته‌شده پروتئین‌های انگل است، زیرا بدون این ساختارها نمی‌توان مدل‌های دقیق دارو-پروتئین را طراحی کرد. اما اکنون پایگاه داده ساختارهای پیش‌بینی‌شده AlphaFold شامل حدود ۱۹۰،۳۳۶ مدل پروتئینی از *Trypanosoma cruzi* است که می‌تواند ساختارهای این پروتئین‌ها را حتی در غیاب داده‌های تجربی در اختیار محققان قرار دهد. در مطالعه‌ای که

جمله گوشی‌های هوشمند و میکروسکوپ‌های ارزان، کاهش زمان و هزینه آموزش و برچسب‌گذاری نمونه‌ها و امکان ادغام با سیستم‌های پایش بهداشت عمومی برای تشخیص سریع شیوع بیماری‌ها است، این فناوری‌ها علاوه بر مالاریا قابلیت توسعه برای تشخیص سایر انگل‌های خون‌زا مانند *تریپانوزوما*، *بابزیوزیس* و *میکروفیلاریا* را نیز دارند و می‌توانند به بخشی از سیستم‌های جامع تشخیص خودکار در محیط‌های بالینی و میدانی تبدیل شوند (۸).

مدل EfficientNet یک معماری پیشرفته شبکه عصبی کانولوشنی است که توسط Tan و Le معرفی شد و با هدف بهینه‌سازی همزمان عمق، عرض و رزولوشن شبکه طراحی گردید. برخلاف مدل‌های سنتی که تنها یکی از این ابعاد را افزایش می‌دهند، EfficientNet از رویکرد مقیاس‌دهی ترکیبی (Compound Scaling) استفاده می‌کند، به این معنی که اندازه شبکه به صورت متوازن در چند بعد افزایش می‌یابد و در نتیجه عملکرد بالاتر با مصرف محاسباتی کمتر حاصل می‌شود. در حوزه تشخیص بیماری‌های انگلی، EfficientNet به دلیل توانایی بالا در استخراج ویژگی‌های پیچیده تصویری، برای تحلیل تصاویر میکروسکوپی خون یا نمونه‌های بافتی مورد استفاده قرار گرفته است. این مدل با بهره‌گیری از لایه‌های کانولوشن عمیق و مکانیسم‌های بهینه‌سازی، قادر است تفاوت‌های ظریف بین سلول‌های سالم و آلوده را شناسایی کند و در تشخیص انگل‌هایی مانند پلاسمودیوم (عامل مالاریا) یا *لیشمانیا* عملکرد دقیقی ارائه دهد. همچنین، استفاده از این مدل باعث کاهش وابستگی به ارزیابی دستی توسط میکروسکوپیست‌ها و کاهش خطای انسانی در تشخیص می‌شود (۲۷).

در برخی مطالعات، به منظور کاهش نیاز به داده‌های برچسب‌گذاری شده گسترده، از رویکرد یادگیری فعال در تحلیل تصاویر پزشکی و میکروسکوپی استفاده شده است. در این روش، مدل یادگیری ماشین به صورت هوشمند نمونه‌هایی را که بیشترین اطلاعات را برای بهبود عملکرد مدل دارند

از مدل‌های AlphaFold برای ارزیابی ساختارهای پروتئین *Trypanosoma cruzi* استفاده کرده‌اند، این پیش‌بینی‌ها مسیرهای بالقوه جدیدی را برای کشف داروهای ضدتریپانوزومیازیسی نشان داده‌اند و نقش مهم پیش‌بینی ساختار پروتئین‌ها توسط هوش مصنوعی را در کشف اهداف دارویی تأیید می‌کنند. در این مطالعه، ترکیبات با فعالیت ضدانگل از پیش انتخاب شده با استفاده از غربالگری مجازی معکوس مبتنی بر داکینگ (Docking-Based Inverse Virtual Screening) بر روی مدل‌های پروتئینی قرار گرفتند و پروتئین‌های هدف بالقوه و حالت‌های اتصال دارو را پیش‌بینی کردند (۲۶).

۲-۳. تشخیص بیماری‌های انگلی: هوش مصنوعی در تشخیص بیماری‌های انگلی به‌ویژه مالاریا با استفاده از الگوریتم‌های یادگیری عمیق و شبکه‌های عصبی کانولوشنی توانسته است دقت، سرعت و کارایی تشخیص را افزایش دهد، یکی از نمونه‌های برجسته سامانه Artificial Intelligence-Based Object Detection System for Malaria Diagnosis (AIDMAN) است که با ترکیب مدل YOLOv5 برای تشخیص سلول‌ها و مدل هم‌ترازکننده توجه‌محور مبتنی بر ترنسفورمر (Transformer-based Attentional Aligner Mode) برای طبقه‌بندی سلولی، مالاریا را از تصاویر نازک خون گرفته‌شده با دوربین گوشی هوشمند با دقت ۹۸/۴۴٪ تشخیص داد و عملکرد آن با میکروسکوپیست‌های با تجربه قابل مقایسه بود، این سامانه با تولید پچ‌های تصویری از سلول‌ها، ایجاد نقشه‌های حرارتی و استفاده از شبکه عصبی کانولوشنی دوشاخه‌ای، تأثیر خطاهای ناشی از سلول‌های مثبت کاذب و ناخالصی‌ها را کاهش داده و تشخیص سریع و قابل اطمینان را حتی در محیط‌های دورافتاده فراهم می‌کند، مزایای کلیدی هوش مصنوعی در تشخیص انگل‌ها شامل افزایش حساسیت و دقت نسبت به روش‌های سنتی، کاهش خطای انسانی و بار کاری در مناطق با بار بالای بیماری، قابلیت استفاده در محیط‌های با تجهیزات محدود از

ResNet152V2 برای تشخیص و طبقه‌بندی مختلف انگل‌های میکروسکوپی مانند *Plasmodium* (مالاریا)، *Toxoplasma gondii*, *Babesia Leishmania* spp. و *Trypanosome* spp. استفاده کرده است. در این پژوهش، تصاویر میکروسکوپی رنگ‌آمیزی شده به صورت پیش‌پردازش شده و سپس از این شبکه‌های عصبی کانولوشنی برای استخراج ویژگی‌ها و طبقه‌بندی نمونه‌ها بهره گرفته شد. نتایج نشان داد که مدل‌های یادگیری انتقالی می‌توانند با دقت بسیار بالا در شناسایی و طبقه‌بندی انگل‌های متفاوت عملکرد دهند و با بهینه‌سازی با استفاده از اپتیمایزهایی مانند SGD و Adam عملکرد کلی بهبود یافت، به طوری که ارقام دقت کلی نزدیک به مقدار بالای ۹۹٪ گزارش شد که نشان‌دهنده قابلیت این شبکه‌ها در نمودهای پیچیده تصاویر انگل‌هاست. در همین مطالعه، یک روش ترکیبی به نام InceptionResNetV2 که شباهت‌های دو روش Inception و ResNet را ترکیب می‌کند، همراه با Adam Optimizer مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد این مدل در مقایسه با سایر مدل‌ها به طور قابل توجهی دقت بالاتری دارد و در طبقه‌بندی نمونه‌های متعدد انگل‌ها به‌ویژه در داده‌های متنوع، تا دقت تقریباً ۹۹/۹۶٪ هم رسید. استفاده از Adam به عنوان روش بهینه‌سازی نیز باعث شد یادگیری سریع‌تر و ثبات بیشتری در آموزش شبکه حاصل شود و مدل بتواند تفاوت‌های ظریف بین نمونه‌های میکروسکوپی را بهتر تشخیص دهد (۱۰).

در سال‌های اخیر، یادگیری ماشین کوانتومی (Quantum Machine Learning) به عنوان یک رویکرد نوین برای بهبود عملکرد در مسائل طبقه‌بندی پیچیده مورد توجه قرار گرفته است. یکی از این روش‌ها، مدارهای کوانتومی متغیر Variation Quantum Circuit (VQC) است که به صورت ترکیبی از فرایندهای کوانتومی و کلاسیکی طراحی می‌شود تا توانایی محاسبات کوانتومی را در کنار منابع محاسباتی کلاسیک به کار گیرد. در زمینه تشخیص مالاریا نیز، یک رویکرد مبتنی بر مدارهای کوانتومی متغیر طراحی شده است

انتخاب می‌کند تا تنها همان نمونه‌ها توسط متخصصان برچسب‌گذاری شوند. این فرآیند باعث کاهش قابل توجه هزینه و زمان برچسب‌گذاری داده‌ها شده و در عین حال دقت مدل را حفظ یا حتی افزایش می‌دهد. کاربرد یادگیری فعال ارتباط مستقیمی با بهبود تشخیص انگل‌ها در تصاویر میکروسکوپی نشان داده است، به گونه‌ای که این رویکرد با انتخاب هوشمندانه نمونه‌های پیچیده، مبهم یا دارای بیشترین عدم قطعیت، نیاز به برچسب‌گذاری گسترده توسط میکروسکوپیست‌ها را کاهش داده و در عین حال عملکرد مدل‌های تشخیصی در شناسایی و طبقه‌بندی مراحل مختلف انگل‌ها را ارتقا داده است. استفاده از راهبردهایی نظیر نمونه‌برداری مبتنی بر عدم قطعیت و رویکرد انتخاب نمونه موجب افزایش کارایی فرآیند آموزش، بهینه‌سازی استفاده از داده‌های محدود و تسهیل توسعه سامانه‌های تشخیص خودکار با دقت بالا در شرایط کمبود داده‌های برچسب‌گذاری شده شده است. (۲۸).

برای تحلیل و طبقه‌بندی انواع انگل‌های انسانی در تصاویر میکروسکوپی نیز از شبکه‌های عصبی کانولوشنی پیشرفته مانند ResNet و سایر شبکه‌های عصبی کانولوشنی استفاده شده است. در این مطالعه، رویکردی مبتنی بر یادگیری عمیق و به‌ویژه یادگیری انتقالی (Transfer Learning) با استفاده از شبکه‌های عصبی کانولوشنی برای تشخیص خودکار انگل‌های مالاریا در تصاویر لام خون ارائه شده است. هشت مدل پیش‌آموزش‌دیده شبکه‌های عصبی کانولوشنی از جمله ResNet-50، ResNet-101 و Xception بررسی شدند و حداکثر دقت ۸۹٪ به دست آمد. نتایج آنها نشان داد که با بهینه‌سازی این مدل‌ها برای داده‌های مربوط به مالاریا، تشخیص‌ها سریع‌تر و دقیق‌تر از روش‌های سنتی انجام می‌شوند و این مزیت در محیط‌های دارای منابع محدود بیش از پیش محسوس است (۲۹).

یک مطالعه جامع از مدل‌های یادگیری انتقالی متعدد از جمله VGG19، InceptionV3، ResNet50V2 و

الگوریتم تقویت‌کننده درختی، می‌تواند بین اشکال مختلف سلول‌های سالم و آلوده تمایز قائل شود و نقش مهمی در تشخیص خودکار انگل‌ها از تصاویر خون ایفا کند (۳۲). بهره‌گیری از روش‌های یادگیری ماشین برای طبقه‌بندی تصاویر خون آلوده به انگل‌ها، مانند مالاریا و سایر تک‌یاخته‌ها، در مطالعات اخیر نشان داده است که الگوریتم‌های تقویت‌کننده مانند XGBoost می‌توانند با استفاده از ویژگی‌های استخراج‌شده از تصاویر میکروسکوپی، دقت تشخیصی بالا (در حدود ۹۴٪) ارائه دهند و نقش مهمی در تفکیک مراحل مختلف آلودگی داشته باشند. همچنین، شبکه‌های عصبی کانولوشنی قادر به یادگیری مستقیم از پیکسل‌ها بوده و در نمونه‌های اخیر با دقت بسیار بالا (بیش از ۹۹٪) در تشخیص و طبقه‌بندی سلول‌های سالم و آلوده به *Plasmodium falciparum* و *Plasmodium vivax* موفق عمل کرده‌اند (۳۳).

جدول ۱ به‌طور خلاصه کاربردهای مختلف الگوریتم‌ها و مدل‌های هوش مصنوعی در سه حوزه کلیدی بیماری‌های انگلی انسانی شامل پیش‌بینی شیوع، کشف داروهای ضد انگلی و تشخیص بیماری‌های انگلی را نشان می‌دهد.

۲. چالش‌ها، محدودیت‌ها و ملاحظات اخلاقی در کاربرد هوش مصنوعی: با ادامه‌ی گسترش فناوری هوش مصنوعی در حوزه انگل‌شناسی، این فناوری چشم‌انداز نوینی از فرصت‌ها و کاربردها را ایجاد کرده است، از بهبود تشخیص سریع و دقیق تا پیش‌بینی اپیدمی‌ها و بهینه‌سازی درمان. با وجود این مزایا، بهره‌برداری مسئولانه و مؤثر از هوش مصنوعی با چالش‌ها، محدودیت‌ها و ملاحظات اخلاقی متعددی همراه است که نیازمند توجه جدی پژوهشگران و سیاست‌گذاران حوزه سلامت می‌باشد. چالش‌های اصلی استفاده از هوش مصنوعی در انگل‌شناسی را می‌توان در چهار حوزه‌ی کلیدی خلاصه کرد: داده‌ها (دسترسی محدود، کیفیت متغیر و تنوع ناکافی)، سوگیری و عدالت (ناابرابری در

که امکان تشخیص وجود انگل مالاریا در تصاویر سلول‌های قرمز خون را از طریق طبقه‌بندی مجموعه‌ای از ویژگی‌های استخراج‌شده فراهم می‌سازد. در این روش، ابتدا از تکنیک‌هایی مانند حداقل افزونگی بیشینه ارتباط Minimum Redundancy Maximum Relevance (mRMR) و تحلیل مولفه‌های اصلی Principal Component Analysis (PCA) برای بهینه‌سازی مجموعه ویژگی‌ها استفاده می‌شود تا تنها اطلاعات مرتبط و کم‌تکرار در ورودی قرار گیرد. سپس، این ویژگی‌های بهینه به عنوان ورودی «رمزگذاری» شده و در مدار کوانتومی پارامتری قرار می‌گیرند. مقایسه نتایج حاصل با روش‌های کلاسیک نشان می‌دهد که ترکیب روش حداقل افزونگی بیشینه ارتباط با رمزگذاری مناسب و رویکرد مدارهای کوانتومی متغیر می‌تواند عملکرد قابل‌قبولی با تعداد کمتر ویژگی و پارامتر ارائه دهد که دارای دقت کلی ۹۹/۰۶٪ در تشخیص مالاریا است (۳۰).

رویکردهای کلاسیک یادگیری ماشین مانند روش ماشین بردار پشتیبان (Support Vector Machine) نیز در تشخیص انگل‌ها از تصاویر خون به‌کار رفته‌اند. برای مثال، در یک مطالعه، روش ماشین بردار پشتیبان برای طبقه‌بندی مراحل مختلف انگل در تصاویر میکروسکوپی استفاده شد و عملکرد قابل‌قبولی در تمایز بین سلول‌های سالم و آلوده و حتی مراحل گوناگون انگل داشت (۳۱).

در مطالعات اخیر، مدل‌های مبتنی بر XGBoost همراه با ویژگی‌های هندسی استخراج‌شده از تصاویر میکروسکوپی خون برای طبقه‌بندی مراحل مختلف انگل مالاریا به‌کار رفته‌اند. این مدل یک الگوریتم تقویت‌گرادیانی (Gradient Boosting) است که توانایی یادگیری روابط پیچیده بین ویژگی‌ها را دارد. در یکی از مطالعات، پس از پردازش تصاویر و استخراج ویژگی‌هایی مانند مساحت و محیط شکل‌های سلولی، مدل XGBoost توانست با دقت بیش از ۹۴٪ در طبقه‌بندی مراحل انگل مالاریا عملکرد رقابتی داشته باشد. نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که XGBoost به‌عنوان

دقت تشخیص میان جمعیت‌ها و گروه‌های کمتر نماینده)، ملاحظات اخلاقی و حریم خصوصی (استفاده از داده‌های حساس بدون رضایت و شفافیت محدود در تصمیم‌گیری مدل‌ها)، و محدودیت‌های فنی و زیرساختی (کمبود زیرساخت محاسباتی، هزینه‌های بالا و پذیرش محدود توسط متخصصان بالینی) (۳۴).

۳-۱. چالش‌های داده: دسترسی، کیفیت و تنوع: موفقیت الگوریتم‌های یادگیری عمیق به شدت وابسته به داده‌های گسترده و باکیفیت است. در انگل‌شناسی، دسترسی به داده‌های متنوع و جامع با دشواری‌هایی روبه‌روست؛ برخی از عفونت‌های انگلی به ندرت گزارش می‌شوند و این موضوع موجب محدودیت در داده‌های آموزشی می‌شود. علاوه بر این، کیفیت داده‌ها متغیر است و داده‌های ناقص، نادرست یا غیرنماینده می‌توانند منجر به ایجاد مدل‌های غیرقابل اعتماد شوند. در بسیاری از مناطق آندمیک، محدودیت بودجه پژوهشی و زیرساخت‌های ناکافی مانع از جمع‌آوری داده‌های استاندارد می‌شود. این موارد نه تنها بر دقت و تعمیم‌پذیری الگوریتم‌ها اثر منفی می‌گذارند، بلکه می‌توانند منجر به سوگیری در نتایج شوند. بنابراین، ایجاد بانک‌های داده‌ای جامع و چندمرکزی که طیف وسیعی از انگل‌ها، میزبان‌ها و شرایط محیطی را پوشش دهند، یک ضرورت است (۳۵). در توسعه مدل‌های یادگیری عمیق برای تشخیص مالاریا، محدودیت تنوع و سوگیری داده‌ها مشکل اصلی است، زیرا تصاویر آموزشی معمولاً از منابع محدود و با کیفیت متفاوت جمع‌آوری شده‌اند و این باعث کاهش تعمیم‌پذیری مدل و عملکرد ضعیف در داده‌های جدید می‌شود (۳۶).

۳-۲. سوگیری و عدالت در الگوریتم‌های هوش مصنوعی: یکی از نگرانی‌های جدی، سوگیری الگوریتم‌ها است. اگر داده‌های آموزشی تنها از یک جمعیت یا منطقه خاص گردآوری شوند، الگوریتم ممکن است در تعمیم نتایج به سایر جمعیت‌ها ناتوان باشد. این مسئله می‌تواند به نابرابری در خدمات تشخیصی و درمانی منجر شود. به‌ویژه گروه‌های

به‌حاشیه‌رانده‌شده یا با نماینده کمتر در داده‌ها ممکن است از دقت پایین‌تری در پیش‌بینی‌ها و تشخیص‌ها برخوردار شوند. توسعه الگوریتم‌های آگاه از عدالت و استفاده از داده‌های چند منبعی می‌تواند تا حدی این شکاف را کاهش دهد (۳۷، ۳۸). اگر مدل‌ها تنها بر اساس تصاویر آموزشی از یک جمعیت یا یک منطقه جغرافیایی خاص آموزش داده شوند، ممکن است در تعمیم به جمعیت‌های دیگر دچار خطا شوند. بررسی‌های سیستماتیک نشان داده‌اند که مدل‌های مبتنی بر هوش مصنوعی برای تشخیص مالاریا شاید در مجموعه‌های داده جدید از لحاظ جغرافیایی، زمانی یا دموگرافیک ضعیف‌تر عمل کنند، که این مسئله ناشی از دامنه محدود داده‌های آموزشی و تغییر دامنه است و می‌تواند منجر به کاهش عدالت در تشخیص بیماری شود، زیرا گروه‌هایی که کمتر در داده‌های آموزشی حضور داشته‌اند ممکن است دقت پایین‌تری در پیش‌بینی‌ها تجربه کنند (۳۶).

۳-۳. ملاحظات اخلاقی و حریم خصوصی داده‌ها: مدل‌های مبتنی بر هوش مصنوعی اغلب به داده‌های حساس بیماران، از جمله سوابق بالینی و اطلاعات ژنتیکی، نیاز دارند. این امر نگرانی‌های اخلاقی متعددی ایجاد می‌کند: استفاده از داده‌های بیماران بدون رضایت آگاهانه یا ناشناس‌سازی کافی می‌تواند نقض حریم خصوصی باشد. شفافیت تصمیم‌گیری الگوریتم‌ها اهمیت زیادی دارد؛ چراکه بسیاری از مدل‌های یادگیری عمیق مانند یک جعبه سیاه عمل کرده و توضیح‌پذیری محدودی دارند. این موضوع اعتماد بیماران و پزشکان به سیستم‌های مبتنی بر هوش مصنوعی را کاهش می‌دهد. مسئولیت‌پذیری در مواردی که تصمیمات درمانی بر اساس خروجی الگوریتم اتخاذ می‌شوند، باید به‌وضوح تعریف شود (۳۹).

۳-۴. محدودیت‌های فنی و زیرساختی: علاوه بر مسائل داده و اخلاق، محدودیت‌های فنی نیز مانع از کاربرد گسترده هوش مصنوعی در انگل‌شناسی می‌شوند: کمبود زیرساخت محاسباتی پیشرفته در بسیاری از کشورها، توانایی آموزش مدل‌های پیچیده را محدود می‌کند. هزینه‌های مالی بالا برای

غربالگری، پیش‌بینی اثربخشی و بازهدف‌گیری ترکیبات ضدانگلی را تسریع و بهینه کنند. همچنین در تشخیص بیماری های انگلی، شبکه‌های عصبی کانولوشنی، یادگیری فعال و مدل‌های یادگیری انتقالی امکان تشخیص سریع، دقیق و خودکار انگل‌ها را از تصاویر میکروسکوپی فراهم ساخته و دقت و سرعت تشخیص را به‌طور قابل توجهی افزایش داده‌اند. با این حال، محدودیت‌ها و چالش‌هایی همچون دسترسی محدود و کیفیت متغیر داده‌ها، سوگیری الگوریتم‌ها، ملاحظات اخلاقی و حریم خصوصی، و کمبود زیرساخت‌های فنی و پذیرش محدود توسط متخصصان بالینی، همچنان نیازمند توجه هستند.

تشکر و قدردانی

این مطالعه به‌صورت مروری انجام شده و نویسندگان از فرد یا سازمان خاصی در انجام آن حمایت دریافت نکرده‌اند.

توسعه و استقرار این فناوری‌ها، به‌ویژه در مناطق کم‌برخوردار، مانعی جدی محسوب می‌شود. پذیرش توسط متخصصان بالینی نیازمند آموزش و آگاهی‌رسانی است، زیرا مقاومت در برابر فناوری‌های جدید می‌تواند روند ادغام هوش مصنوعی در سیستم‌های بهداشتی را کند سازد (۷).

نتیجه‌گیری

هوش مصنوعی با کاربرد در پیش‌بینی شیوع بیماری‌های انگلی، کشف داروهای ضدانگلی و تشخیص آنها، ابزار قدرتمندی برای بهبود سلامت عمومی و مدیریت بیماری‌های انگلی فراهم کرده است. در پیش‌بینی شیوع، مدل‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق با تحلیل داده‌های محیطی، جمعیتی و ثبت‌شده، امکان شناسایی الگوهای زمانی-مکانی و اجرای مداخلات هدفمند را فراهم می‌کنند. در کشف دارو، الگوریتم‌های پیشرفته و یادگیری عمیق توانسته‌اند فرآیند

جدول ۱- خلاصه ای از کاربردهای هوش مصنوعی در پیش‌بینی شیوع، کشف داروهای ضد انگلی و تشخیص بالینی

حوزه	مدل / الگوریتم	نوع داده	کاربرد اصلی	مزایا	محدودیت ها	نمونه های کاربردی
پیش بینی شیوع	CNN	داده های جوی و جغرافیایی	پیش‌بینی شیوع چیکونگونیا، مالاریا و تب دنگی	دقت بالا (۸۸٪)، امکان مداخله به موقع	نیاز به داده‌های طولانی مدت و کامل	سه بیماری منتقله توسط ناقل
	Geospatial AI + ML	داده‌های GIS و ثبت بیماری	نقشه‌برداری مناطق پرخطر لیشمانیازیس	امکان تعیین مناطق با ریسک بالا، مدیریت منابع بهداشتی	نیاز به GIS و داده‌های جغرافیایی دقیق	لیشمانیازیس جلدی، استان اصفهان
	AI + ML + Shape-based	داده‌های ژنومی، پروتئومی، ساختاری	شناسایی اهداف دارویی و طراحی ترکیبات ضدانگل	کاهش زمان توسعه دارو از دهه به ماه، افزایش دقت پیش‌بینی	نیاز به سخت‌افزار و داده‌های بزرگ	LabMol-167, DeepMalaria, DC-9237
کشف داروهای ضد انگلی	DeepMind / Neural Networks	داده‌های ساختاری پروتئین	پیش‌بینی ساختار پروتئین‌های هدف	شناسایی داروهای بالقوه، بهینه‌سازی داروهای موجود	نیاز به داده و الگوریتم پیچیده	تریپانوزومیازیس
	Eve (Drug Repurposing)	داده‌های کتابخانه دارویی	بازهدف‌گیری داروهای موجود برای بیماری‌های انگلی	صرفه‌جویی در زمان و هزینه، استفاده از داروهای تاییدشده	نیاز به اعتبارسنجی آزمایشگاهی	مالاریا، تریپانوزومیازیس
	YOLO	تصاویر میکروسکوپی مدفوع	شناسایی سریع انگل‌ها	سرعت بالا، مناسب پردازش انبوه	نیاز به مجموعه داده بزرگ و برچسب‌گذاری اولیه	انگل‌های روده‌ای
تشخیص بالینی	EfficientNet	تصاویر میکروسکوپی و خون	افزایش حساسیت و دقت تشخیص	استخراج ویژگی‌های پیچیده، کاهش خطای انسانی	نیازمند سخت‌افزار قوی	مالاریا، لیشمانیازیس
	ResNet / CNN های دیگر	تصاویر میکروسکوپی	طبقه‌بندی انگل‌ها و کاهش خطای انسانی	دقت بالا، قابلیت تعمیم‌پذیری	زمان آموزش طولانی، نیاز به برچسب‌گذاری دقیق	انواع انگل‌های انسانی
	Active Learning	مجموعه داده‌های بزرگ	کاهش برچسب‌گذاری و انتخاب نمونه‌های آموزشی هوشمند	کاهش زمان و هزینه برچسب‌گذاری، افزایش دقت مدل	نیاز به مشارکت مداوم متخصص	مجموعه‌های داده بزرگ از نمونه‌های میکروسکوپی

مالاریا، لیشمانیازیس، <i>Toxoplasma gondii</i> , <i>Babesia</i> , <i>Trypanosome</i>	نیاز به پیش‌پردازش تصویر و سخت‌افزار قدرتمند	دقت بسیار بالا (تا ۹۶٪/۹۹)، امکان استفاده در دیانت‌های بزرگ	شناسایی و طبقه‌بندی انگل‌ها	تصاویر میکروسکوپی سلول‌های خون و انگ	VGG19 / InceptionV3 / ResNet50V2 / ResNet152V2
لیشمانیازیس	پیچیدگی مدل و نیاز به GPU قوی	دقت بالا، عملکرد بهینه با Adam Optimizer	طبقه‌بندی دقیق انگل‌ها و سلول‌های میزبان	تصاویر میکروسکوپی سلول‌ها	InceptionResNetV2 + Adam Optimizer
تخم انگل‌های روده‌ای	نیاز به مجموعه داده برچسب‌گذاری شده	بهبود دقت تشخیص، کاهش خطای انسانی	شناسایی خودکار تخم انگل در آزمایشگاه	تصاویر میکروسکوپی تخم‌های انگل	YOLOv8 + SGD
نیاز به بهینه‌سازی و داده کافی	نیاز به بهینه‌سازی و داده کافی	دقت ۹۷/۳٪، مناسب اپلیکیشن‌های موبایلی	شناسایی مالاریا از طریق موبایل	تصاویر خون برای اپلیکیشن موبایل	CNN Mobile + Cyclical SGD
انگل‌های تک‌یاخته‌ای	نیاز به داده‌های آموزش زیاد	بهبود دقت تشخیص، کاهش خطای انسانی	تشخیص و طبقه‌بندی بیماری‌های انگلی و عفونی	تصاویر میکروسکوپی انگل‌های تک‌یاخته‌ای	Deep Learning Models
مالاریا و انگل‌های تک‌یاخته‌ای	محدودیت در تعمیم به مجموعه‌های داده بزرگ	دقت بسیار بالا و سادگی مدل	تمایز سلول‌های سالم و آلوده	تصاویر خون آلوده و سالم	SVM
مالاریا و انگل‌های تک‌یاخته‌ای	نیاز به تنظیم دقیق پارامترها	دقت بالا	تمایز سلول‌های سالم و آلوده	تصاویر خون آلوده و سالم	XGBoost
مالاریا و انگل‌های تک‌یاخته‌ای	پیچیدگی متوسط مدل	دقت بالا	تمایز سلول‌های سالم و آلوده	تصاویر خون آلوده و سالم	Neural Network
لکوسیت‌های محیطی	نیاز به GPU قوی داده برچسب‌گذاری شده	دقت ۹۰/۰۹٪، سرعت پردازش ۵۳ میلی‌ثانیه	شناسایی و طبقه‌بندی لکوسیت‌ها	تصاویر لکوسیت	SSD / YOLO Improved

CNN: Convolutional Neural Network, ML: Machine Learning, AI: Artificial Intelligence, GIS: Geographic Information System, SSD: Single Shot Multibox Detector, SGD: Stochastic Gradient Descent, YOLO: You Only Look Once, SVM: Support Vector Machine, XGBoost: eXtreme Gradient Boosting, GPU: Graphics Processing Unit, VL: Visceral Leishmaniasis.

References

1. Carroll KC, Butel JS, Morse SA. Jawetz Melnick & Adelbergs Medical Microbiology 27 E: McGraw Hill Professional; 2015.
2. Murray PR. The clinician and the microbiology laboratory. Mandell, Douglas, and Bennett's Principles and Practice of Infectious Diseases. 2014;191.
3. Wang Y. Introduction to parasitic disease. Radiology of parasitic diseases: a practical approach: Springer; 2017. p. 3.
4. Garcia LS, Procop GW. Diagnostic medical parasitology. Manual of Commercial Methods in Clinical Microbiology :International Edition. 2016;284–308.
5. Saito PT, Suzuki CT, Gomes JF, de Rezende PJ, Falcao AX. Robust active learning for the diagnosis of parasites. Pattern Recognition. 2015;48(11):3572–83.
6. Bloom DE, Cadarette D. Infectious disease threats in the twenty-first century: strengthening the global response. Frontiers in immunology. 2019;10:549.
7. Parija SC, Poddar A. Artificial intelligence in parasitic disease control: A paradigm shift in health care. Tropical Parasitology. 2024;14(1):2–7.
8. Liu R, Liu T, Dan T, Yang S, Li Y, Luo B, et al. AIDMAN: An AI-based object detection system for malaria diagnosis from smartphone thin-blood-smear images. Patterns. 2023;4(9).
9. Rabaan AA, Bakhrebah MA, Alotaibi J, Natto ZS, Alkhaibari RS, Alawad E, et al. Unleashing the power of artificial intelligence for diagnosing and treating infectious diseases: A comprehensive review. Journal of Infection and Public Health. 2023;16(11):1837-47.
10. Kumar Y, Garg P, Moudgil MR, Singh R, Woźniak M, Shafi J, et al. Enhancing parasitic organism detection in microscopy images through deep learning and fine-tuned optimizer. Scientific Reports. 2024;14(1):5753.
11. Scarpino SV, Petri G. On the predictability of infectious disease outbreaks. Nature communications. 2019;10(1):898.
12. Liu Y, Feng G, Tsui K-L, Sun S. Forecasting influenza epidemics in Hong Kong using Google search queries data: A new integrated approach. Expert Systems with Applications. 2021;185:115604.
13. Laureano-Rosario AE, Duncan AP, Mendez-Lazaro PA, Garcia-Rejon JE, Gomez-Carro S, Farfan-Ale J, et al. Application of artificial neural networks for dengue fever outbreak predictions in the northwest coast of Yucatan, Mexico and San Juan, Puerto Rico. Tropical Medicine and Infectious Disease. 2018;3(1):5.
14. Oguntimilehin A, Adetunmbi A, Abiola O. A review of predictive models on diagnosis and treatment of malaria fever. International Journal of Computer Science and Mobile Computing. 2015;4(5):1087–93.
15. Shabanpour N, Razavi-Termeh SV, Sadeghi-Niaraki A, Choi S-M, Abuhmed T. Integration of machine learning algorithms and GIS-based approaches to cutaneous leishmaniasis prevalence risk mapping. International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation. 2022;112:102854.
16. Raizada S, Mala S, Shankar A, editors. Vector borne disease outbreak prediction by machine learning. 2020 International conference on smart technologies in computing, electrical

- and electronics (ICSTCEE). 2020; IEEE.
17. Berdigaliyev N, Aljofan M. An overview of drug discovery and development. *Future medicinal chemistry*. 2020;12(10):939–47.
18. Sun D, Gao W, Hu H, Zhou S. Why 90% of clinical drug development fails and how to improve it? *Acta Pharmaceutica Sinica B*. 2022;12(7):3049–62.
19. Gupta R, Srivastava D, Sahu M, Tiwari S, Ambasta RK, Kumar P. Artificial intelligence to deep learning: machine intelligence approach for drug discovery. *Molecular diversity*. 2021;25(3):1315–60.
20. Lima MN, Borba JV, Cassiano GC, Mottin M, Mendonca SS, Silva AC, et al. Artificial Intelligence Applied to the Rapid Identification of New Antimalarial Candidates with Dual-Stage Activity. *ChemMedChem*. 2021;16(7):1093–103.
21. Keshavarzi Arshadi A, Salem M, Collins J, Yuan JS, Chakrabarti D. DeepMalaria: artificial intelligence driven discovery of potent antiparasitics. *Frontiers in pharmacology*. 2020;10:1526.
22. Martin EJ, Polyakov VR, Zhu X-W, Tian L, Mukherjee P, Liu X. All-assay-Max2 pQSAR: activity predictions as accurate as four-concentration IC50s for 8558 Novartis assays. *Journal of chemical information and modeling*. 2019;59(10):4450–9.
23. Winkler DA. Use of artificial intelligence and machine learning for discovery of drugs for neglected tropical diseases. *Frontiers in Chemistry*. 2021;9:614073.
24. Williams K, Bilsland E, Sparkes A, Aubrey W, Young M, Soldatova LN, et al. Cheaper faster drug development validated by the repositioning of drugs against neglected tropical diseases. *Journal of the Royal society Interface*. 2015;12(104):20141289.
25. Yang Z, Zeng X, Zhao Y, Chen R. AlphaFold2 and its applications in the fields of biology and medicine. *Signal Transduction and Targeted Therapy*. 2023;8(1):115.
26. Ros-Lucas A, Martinez-Peinado N, Bastida J, Gascón J, Alonso-Padilla J. The use of alphafold for in silico exploration of drug targets in the parasite *Trypanosoma cruzi*. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2022;12:944748.
27. Tan M, Le Q, editors. Efficientnet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks. *International conference on machine learning*. 2019; 6105-6114. PMLR.
28. Wang H, Jin Q, Li S, Liu S, Wang M, Song Z. A comprehensive survey on deep active learning in medical image analysis. *Medical Image Analysis*. 2024;95:103201.
29. Laghari AA, Muhammad W, Memon ML, Hussain A, Kumar A. Malaria Parasite Cell Classification Using Transfer Learning with State-of-the-Art CNN Architectures. *Biology*. 2025;14(12):1792.
30. Hossain MM, Rahim MA, Bahar AN, Rahman MM. Automatic malaria disease detection from blood cell images using the variational quantum circuit. *Informatics in Medicine Unlocked*. 2021;26:100743.
31. Hamza M, Ali I, Ali S, Khan W, Shah SM, Haq IU. Leveraging Machine Learning and Deep Learning for Advanced Malaria Detection Through Blood Cell Images. 2025. *ICCK Journal of Image Analysis and Processing*. 2025;1(1):17-26.

32. Aggarwal G, Goyal M. Geometric features: A Critical Component for accurate classification in thin smear microscopy. *Shodhkosh: Journal of visual and performing arts* Учредители: Granthaalayah Publications and Printers. 2024;5: (5).
33. Ramos-Briceño DA, Flammia-D'Aleo A, Fernández-López G, Carrión-Nessi FS, Forero-Peña DA. Deep learning-based malaria parasite detection: convolutional neural networks model for accurate species identification of *Plasmodium falciparum* and *Plasmodium vivax*. *Scientific Reports*. 2025;15(1):3746.
34. Ezenwaka CO, Nwalozie R. Artificial Intelligence (AI) and Machine Learning (ML) in Parasitological Laboratory. *South Asian Journal of Parasitology*. 2023;6(3):113–24.
35. Smith KP, Kirby JE. Image analysis and artificial intelligence in infectious disease diagnostics. *Clinical Microbiology and Infection*. 2020;26(10):1318–23.
36. Faratisha IFD, Yunita KC, Rahmawati HR, Fitri LE, Winaris N, Muflikah L. Diagnostic Accuracy of Utilizing Artificial Intelligence for Malaria Diagnostic: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Infectious Disease Reports*. 2026;18(1):11.
37. Hajian S, Bonchi F, Castillo C, editors. Algorithmic bias: From discrimination discovery to fairness-aware data mining. *Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD international conference on knowledge discovery and data mining*. 2016; 2125-2126.
38. Starke C, Baleis J, Keller B, Marcinkowski F. Fairness perceptions of algorithmic decision-making: A systematic review of the empirical literature. *Big Data & Society*. 2022;9(2):20539517221115189.
39. Caruana R, Lou Y, Gehrke J, Koch P, Sturm M, Elhadad N, editors. Intelligible models for healthcare: Predicting pneumonia risk and hospital 30-day readmission. *Proceedings of the 21th ACM SIGKDD international conference on knowledge discovery and data mining*. 2015;1721-1730.

Artificial Intelligence in the Control and Management of Human Pathogenic Parasites: A Mini- Review of Current Advances and Future Directions

Maryam Shafaati ¹, Gholamreza Hassanpour ^{2,*}

1. Ph.D, Research Center for Antibiotic Stewardship and Antimicrobial Resistance, Imam Khomeini Hospital Complex, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.
2. Associate Professor, Center for Research of Endemic Parasites of Iran, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran.

* Corresponding author: hassanpour@tums.ac.ir

Received: Nov 23, 2025

Accepted: Dec 19, 2025

ABSTRACT

Background and Aim: Human parasitic diseases, including protozoan, helminthic, and arthropod infections, remain a major threat to public health, and their rapid and accurate diagnosis is of critical importance. Conventional diagnostic approaches, such as microscopy, serological assays, and molecular techniques, are associated with limitations including human error, high costs, and the need for sophisticated equipment. In recent years, advances in artificial intelligence (AI) and deep learning (DL) technologies have created new opportunities to improve the control and management of parasitic diseases.

Materials and Methods: This study was conducted as a mini-review, in which published studies on the applications of artificial intelligence and deep learning in clinical parasitology were reviewed and analyzed.

Results: The findings showed that these technologies have three major applications: prediction of parasitic disease outbreaks, antiparasitic drug discovery, and diagnosis of parasitic infections. Convolutional neural networks (CNNs) and active learning models enable high-precision analysis of microscopic images, epidemic forecasting, identification of therapeutic targets, and optimization of treatment strategies. Nevertheless, challenges such as limited datasets, algorithmic bias, ethical considerations, and inadequate technical infrastructure remain.

Conclusion: Integration of AI with clinical systems, development of comprehensive databases, and application of transfer learning techniques may improve the accuracy, efficiency, and generalizability of AI algorithms. This mini-review summarizes the current status, challenges, and future prospects of AI applications in clinical parasitology and highlights strategies for developing innovative and cost-effective diagnostic and therapeutic tools.

Keywords: Artificial Intelligence, Deep Learning, Human Parasitic Diseases, Diagnosis, Prediction, Drug Discovery

Copyright © 2025 Tehran University of Medical Sciences. Published by Tehran University of Medical Sciences.



This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non-Commercial 4.0 International license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>). Non-commercial uses of the work are permitted, provided the original work is properly cited.