



پیش‌بینی همه‌گیری بعدی با هوش مصنوعی جدید

دانشمندان یک سیستم هوش مصنوعی را توسعه داده‌اند که ما را از همه‌گیری بعدی آگاه می‌کند.

دانشمندان یک سیستم هوش مصنوعی را توسعه داده‌اند که ما را از همه‌گیری بعدی آگاه می‌کند. این سیستم با استفاده از فناوری یادگیری ماشینی می‌تواند به ما در مورد ظهور انواع خطرناک ویروس‌ها در آینده هشدار دهد و همچنین به ما اجازه دهد تا از قبل برای آن آماده شویم.

به گزارش ایسنا و به نقل از آی‌ای، همه ما می‌دانیم که همه‌گیری کووید-۱۹ چقدر ویرانگر بود و اگر تلاش دانشمندان و کارکنان بهداشت در سراسر جهان نبود، می‌توانست بدتر از این هم بشود. اما چه می‌شود اگر بتوانیم از خطرناک‌ترین گونه‌های بعدی ویروس‌ها را قبل از تبدیل شدن به یک تهدید بزرگ جهانی آگاه شویم؟

اکنون یک سیستم هوش مصنوعی جدید می‌تواند این کار را انجام دهد. بر اساس مطالعه دانشمندان موسسه پژوهش اسکرپیس و دانشگاه نورث وسترن در ایالات متحده، این سیستم موسوم به EWAD می‌تواند به ما در مورد ظهور انواع خطرناک ویروس‌ها در همه‌گیری‌های آینده هشدار دهد.

سیستم EWAD

این سیستم که هشدار اولیه تشخیص ناهنجاری (EWAD) نام دارد، از فناوری یادگیری ماشینی برای تجزیه و تحلیل توالی‌های ژنتیکی، تناوب‌ها و میزان مرگ و میر بر اثر انواع ویروس‌ها در سراسر جهان استفاده می‌کند.

پژوهشگران EWAD را بر روی داده‌های واقعی از همه‌گیری کووید-۱۹ آزمایش کردند و دریافتند که می‌تواند به طور دقیق پیش‌بینی کند که کدام گونه‌های نگران‌کننده در هنگام جهش ویروس ایجاد می‌شوند.

این سیستم همچنین می‌تواند تخمین بزند که اقدامات بهداشت عمومی مانند واکسن‌ها و پوشیدن ماسک چگونه بر تکامل ویروس تأثیر می‌گذارد.

این مطالعه که در مجله Cell Patterns منتشر شده است، نشان می‌دهد که EWAD می‌تواند به ما کمک کند تا با شناسایی تهدیدهای بالقوه قبل از تعیین و تایید رسمی توسط سازمان بهداشت جهانی (WHO) برای مقابله با شیوع‌های آینده آماده شویم و به آنها واکنش نشان دهیم.

ویلیام بالچ، میکروبیولوژیست در موسسه پژوهشی اسکرپیس و یکی از نویسندگان اصلی این مطالعه می‌گوید: می‌توانیم انواع ژن‌های کلیدی را ببینیم که ظاهر می‌شوند و بیشتر می‌شوند، زیرا میزان مرگ و میر نیز تغییر می‌کند و همه اینها هفته‌ها قبل از تعیین رسمی گونه‌های نگران‌کننده توسط سازمان بهداشت جهانی اتفاق می‌افتد.

این سیستم هوش مصنوعی از یک روش ریاضی به نام کوواریانس فضایی مبتنی بر فرآیند گاوسی (Gaussian process-based spatial covariance) استفاده می‌کند که می‌تواند داده‌های جدید را بر اساس داده‌های موجود و روابط آنها پیش‌بینی کند. این سیستم همچنین می‌تواند الگوها و قوانین تکامل ویروس را که در غیر این صورت در حجم وسیعی از داده‌ها پنهان می‌شوند، شناسایی کند.

درس‌های آموخته شده

بالچ می‌گوید: یکی از درس‌های بزرگ این کار این است که مهم است که نه تنها چند نوع برجسته، بلکه ده‌ها هزار نوع دیگر تعیین نشده که ما آن‌ها را «نوعی ماده تاریک» می‌نامیم، در نظر بگیریم.

پژوهشگران می‌گویند که سیستم آنها همچنین می‌تواند به ما کمک کند تا در مورد بیولوژی اولیه ویروس‌ها و نحوه سازگاری آنها با محیط‌های مختلف بیشتر بدانیم. این می‌تواند به درمان‌ها و استراتژی‌های پیشگیری بهتر برای بیماری‌های ویروسی منجر شود.

بن کالورلی، ریاضی‌شناس در موسسه پژوهشی اسکرپیس و یکی دیگر از نویسندگان اصلی این مطالعه می‌گوید: این سیستم و روش‌های فنی زیربنایی آن کاربردهای احتمالی زیادی در آینده دارند.

این مطالعه در مجله Cell Patterns منتشر شده است.