



تحلیل داده‌های میکروبیوم به کمک هوش مصنوعی: رویکردی نوآورانه در تحقیقات پزشکی قانونی

مهدی کریمی^۱ PhD، حمید عطاران^۲ MD

^۱ گروه حقوق جزا و جرم‌شناسی، دانشکده حقوق و علوم اجتماعی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران
^۲ مرکز تحقیقات پزشکی قانونی، سازمان پزشکی قانونی کشور، تهران، ایران

*نویسنده مسئول: مهدی کریمی، پست الکترونیک: m.karimi342@pnu.ac.ir

انتشار برخط: ۱۴۰۳/۰۶/۱۰

پذیرش: ۱۴۰۳/۰۵/۲۱

تاریخچه مقاله: دریافت: ۱۴۰۳/۰۴/۱۷

How to cite: Karimi M, Attaran H. Microbiome data integrated with AI: an innovative approach in forensic medical research. Iran J Forensic Med. 2024;30(2):139-41.

سردبیر محترم:

میکروبیوتا به مجموعه میکروارگانیسم‌هایی مانند باکتری‌ها، ویروس‌ها، قارچ‌ها اشاره دارد که در یک محیط خاص مانند بدن انسان، خاک یا محیط‌های آبی زندگی می‌کنند. این تجمع تغییرات پویایی را از خود نشان می‌دهد که می‌تواند دیدگاه‌های ارزشمندی برای تحقیقات پزشکی قانونی فراهم کند.

میکروارگانیسم‌های موجود در اجساد و محیط اطراف آنها، تغییراتی را در میکروبیوتای خود تجربه می‌کنند که به این فرآیند «جانشینی میکروبی» گفته می‌شود. منظور از جانشینی میکروبی این است که میکروبیوتا در یک محیط خاص، به صورت منظم و پشت سر هم در طول زمان تغییر می‌کنند. این موضوع برای تحقیقات پزشکی قانونی بسیار مهم و کلیدی است، زیرا می‌تواند اطلاعات ارزشمندی درباره فرآیند تجزیه جسد، زمان سپری شده از مرگ، محل وقوع مرگ و دیگر موارد ضروری در اختیار محققان قرار دهد. با پیشرفت‌های حاصل شده در زمینه بیوانفورماتیک و فناوری‌های توالی‌یابی پرظرفیت، استفاده از این میکروبیوتا اهمیت روزافزونی پیدا کرده، اما حجم زیاد و پیچیدگی داده‌های حاصله، چالش‌های بزرگی را ایجاد می‌کند. به همین دلیل، به کارگیری روش‌های هوش مصنوعی برای تحلیل دقیق و کارآمد این داده‌ها ضروری است [۱].

در مراحل مختلف تجزیه جسد، گونه‌های متفاوت میکروبی غالب می‌شوند که این امر نشان‌دهنده تغییرات در منابع در دسترس و شرایط محیطی است. با پیشرفت تجزیه، تجمع گازهای ناشی از متابولیسم

میکروبی باعث متورم شدن جسد می‌شود. در این مرحله، باکتری‌های کلسترییدیوم رشد می‌کنند و در فرآیندهای تجزیه تخمیری شرکت می‌کنند. شرایط بی‌هوازی در داخل جسد، به تدریج به شرایط هوازی تبدیل می‌شود. به مرور، باکتری‌هایی نظیر آسینتوباکتر، اسفینگوموناس و سایر باکتری‌هایی که در محیط‌های کم‌مغذی امکان بقای آنها وجود دارد ممکن است فعال تر شوند. قارچ‌ها نیز ممکن است با نامناسب شدن محیط برای رشد باکتری‌ها، بیشتر شوند. اسپرژیلوس و پنی‌سیلیوم در مراحل متورم شدن و پوسیدگی جسد غالب هستند.

میکروبیوم بدن انسان پس از مرگ که شامل میکروب‌های موجود در خون، مایعات و اندام‌های داخلی اجساد (تاناتومیکروبیوم) و همچنین میکروب‌های روی سطح بقایای در حال تجزیه (میکروبیوتای اپی‌نکروتیک) می‌شود، نقش مهمی در تحقیقات پزشکی قانونی ایفا می‌کند. به دلیل سهولت نمونه‌برداری، بیشتر تحقیقات بر روی جوامع اپی‌نکروتیک، به ویژه در دستگاه گوارش، دهان و پوست متمرکز شده است. اما تحلیل داده‌های میکروبیوم نیازمند تخصص ویژه در زمینه بیوانفورماتیک است که تمامی آزمایشگاه‌های پزشکی قانونی توانایی انجام چنین ارزیابی‌هایی را ندارند.

در طول فرآیندهای استخراج و پردازش نمونه، امکان ورود آلودگی میکروبی از خارج وجود دارد که می‌تواند نتایج تحلیل را مخدوش کرده و منجر به سوءتفاهم شود. علاوه بر این، میکروبیوتا که متشکل از هزاران گونه هستند، فرآیند تحلیل را پیچیده می‌کنند. برای شناسایی گونه‌های مهم، باید از مجموعه‌ای از روش‌های تحلیلی و مدل‌های

آماری مانند مدل‌های جنگل تصادفی، مدل‌های افزایشی تعمیم یافته و مدل‌های خطی تعمیم یافته به طور تقریبی استفاده کرد. در نتیجه، اگرچه داده‌های میکروبیوم نظرات ارزشمندی را در زمینه تحقیقات پزشکی قانونی ارائه می‌دهد، اما روش‌های فعلی مورد استفاده برای تحلیل این داده‌ها نیازمند بهبود و پیشرفت مستمرند. با پیشرفت فناوری‌های مدرن توالی‌یابی پرظرفیت، حجم داده‌های میکروبی از توانایی پردازش روش‌های دستی و سنتی فراتر رفته است. در این شرایط، هوش مصنوعی به عنوان راه‌حلی برای این چالش ارائه می‌شود. فناوری‌های هوش مصنوعی نقش کلیدی در استخراج و کشف الگوهای ارزشمند از پیکره عظیم داده‌های میکروبی در زمینه میکروبی‌شناسی پزشکی قانونی ایفا می‌کنند [۲].

مدل‌های هوشمند مبتنی بر هوش مصنوعی قادرند برای هر نمونه، یک پروفایل یا گزارش جزئی از میزان فراوانی یا تعداد هرگونه میکروب در آن نمونه تهیه کنند. به عبارت دیگر می‌توانند مشخص کنند که در یک نمونه خاص مثلاً خاک، آب یا بدن انسان، چه میکروبهایی وجود دارند و هر کدام چه مقدار فراوانی دارند. این قابلیت‌های مدل‌های هوش مصنوعی به صورت بسیار کارآمد و با دقت بالا انجام می‌شوند، در حالی که روش‌های سنتی و قدیمی ممکن است در این زمینه با محدودیت‌هایی روبه‌رو باشند.

بنابراین مدل‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق می‌توانند پتانسیل و توانایی میکروبیوتا را در انجام کارهای مختلف پیش‌بینی کنند. این پیش‌بینی‌ها می‌تواند نشان دهد که این میکروبیوتا چه تأثیراتی بر میزبان‌ها یا محیط زیست اطرافشان می‌گذارند. به عنوان مثال مدل‌هایی مانند رندم فارست یا ماشین بردار پشتیبان می‌توانند مسیرهای متابولیکی و عملکردی میکروبه‌ها را حدس بزنند. این پیش‌بینی‌ها می‌تواند سرنخ‌هایی درباره سبک زندگی، سلامتی یا محیط زیستی که فرد متوفی در آن قرار داشته ارائه دهد [۳].

میکروارگانیزم‌هایی که به طور پایدار در اندام‌های مختلف بدن پس از مرگ یافت می‌شوند، می‌توانند به عنوان نشانگر زیستی استفاده شوند. تخمین زمان سپری شده از مرگ فرد (PMI) در موارد قانونی بسیار مهم است. تغییرات میکروبیوتا در طول مراحل مختلف تجزیه جسد می‌تواند جایگزین خوبی برای روش‌های سنتی

مبتنی بر فرآیندهای فیزیکی پس از مرگ، مانند کاهش دمای جسد، باشد و پایه مهمی برای پیش‌بینی PMI به شمار می‌رود. علاوه بر این با ترکیب چندین نشانگر زیستی که به طور پویا تغییر می‌کنند، می‌توان زمان سپری شده از مرگ (PMI) را با دقت بالایی پیش‌بینی کرد. برای افزایش دقت پیش‌بینی لازم است اطلاعات چندگانه را با هم ترکیب کنیم. به عنوان مثال، محققان داده‌های متابولومیکس، الکتروفورز پروتئینی و طیف‌سنجی را با هم تلفیق و با الگوریتم یادگیری ماشین آنالیز کردند. این کار باعث افزایش دقت تخمین زمان سپری شده از مرگ (PMI) و ارائه دیدگاه جامع از پرونده شد [۴].

روش‌های یادگیری عمیق مانند شبکه‌های عصبی کانولوشنی (CNN) و شبکه‌های عصبی بازگشتی (RNN) در تحلیل این داده‌ها نتایج خوبی داشته‌اند. با در نظر گرفتن فرآیند تجزیه جسد به عنوان یک رویداد سری زمانی، شبکه‌های عصبی بازگشتی (RNN) می‌توانند تغییرات پی‌درپی داده‌های میکروبیومی را ردیابی کنند. این مدل‌های هوش مصنوعی، پس از آموزش مناسب، قادرند الگوهای را در داده‌های میکروبیومی که با زمان سپری شده از مرگ (PMI) ارتباط دارند شناسایی کنند. در مقایسه با روش‌های سنتی، این مدل‌ها دقت پیش‌بینی بالاتری از خود نشان داده‌اند.

محققان ابتدا با استفاده از توالی‌یابی با حجم بالا، جوامع باکتریایی را در نمونه‌های خاک قبر مرتبط با تجزیه لاشه موش بررسی کردند. آنها دیدند که در طول فرآیند تجزیه، فراوانی برخی گروه‌های باکتریایی مانند پروتئوباکتری‌ها افزایش می‌یابد در حالی که فراوانی برخی گروه‌ها مثل اکتینوباکتری‌ها کاهش می‌یابد. سپس از یک مدل رندم فارست برای پیش‌بینی PMI در طول ۳۶ روز اول بر اساس این تغییرات میکروبیوتا استفاده کردند [۵].

در تحقیقات قانونی، همچنین تعیین محل دقیق مرگ یک فرد بسیار مهم است. برخلاف مکان جغرافیایی که یک منطقه گسترده را نشان می‌دهد، محل مرگ به جایی اشاره دارد که فرد در آنجا جان باخته است.

پروفایل میکروبی خاک و آب، همراه با میکروبیوتای خاص محیط‌های مختلف (مثلاً شهری در مقابل روستایی، یا جنگل در مقابل بیابان)، می‌تواند در تعیین محل مرگ کمک زیادی کند. علاوه بر این تلفیق این داده‌ها با عوامل محیطی دیگر مانند دما،

رطوبت و گیاهان منطقه، دقت این تعیین را افزایش می‌دهد. انواع مختلف خاک، هر کدام با ویژگی‌های میکروبی منحصر به فرد می‌توانند نشان دهند که آیا جسد پس از مرگ جابه‌جا شده یا نه. این نشان می‌دهد که پروفایل میکروبی یک جسد تحت تأثیر محیط اطراف آن قرار می‌گیرد. به عنوان مثال محققان با مقایسه جمعیت دیاتومه‌ها (جلبک‌های تک سلولی) در بافت ریه موش‌های غرق شده با پروفایل دیاتومه‌ای در نقاط مختلف رودخانه که از طریق مدل‌های CNN تعیین شده بود توانستند محل غرق شدن را استنباط کنند.

با آموزش یک مدل هوش مصنوعی برای شناسایی الگوهای میکروبی در محیط‌های خاص می‌توان محل احتمالی یک جسد را از روی ترکیب میکروبی آن پیش‌بینی کرد. به عنوان مثال اگر یک مدل بتواند تفاوت بین الگوهای میکروبی جنگل و بیابان را تشخیص دهد، می‌تواند از روی پروفایل میکروبی یک جسد حدس بزند که آیا آن جسد در جنگل بوده یا در بیابان قرار داشته است. اگرچه این زمینه هنوز در مراحل ابتدایی است، اما مطالعات اولیه نشان می‌دهد داده‌های میکروبیوم می‌تواند سرنخ‌های قابل توجهی در مورد محل مرگ فرد ارائه دهد.

باتوجه به اینکه مدل‌های هوش مصنوعی دقت بالایی دارند، مکانیسم‌های داخلی آنها اغلب ناشفاف هستند. توسعه مدل‌هایی که قابل تفسیر باشند بسیار مهم است، زیرا آنها باید فرآیندها و تصمیمات خود را توضیح دهند. این موضوع در زمینه قانونی که «دلایل منتهی به نتیجه‌گیری‌ها باید واضح و قابل توجیه باشد» بسیار حیاتی است. علاوه بر این مدل‌های هوش مصنوعی باید در شرایط گوناگون به دقت ارزیابی شوند تا کاربرد گسترده آنها در انواع مختلف موارد قانونی تأیید شود. نبود استانداردهایی و تکرارپذیری در تحلیل میکروبیوم مبتنی بر هوش مصنوعی در زمینه قانونی، یک چالش بزرگ است. برای غلبه بر این مشکل، توسعه پروتکل‌های استاندارد و اطمینان از یکنواختی در جمع‌آوری و پردازش داده‌ها ضروری است. بنابراین با پیشرفت بیشتر در تلفیق میکروبیولوژی قانونی و هوش مصنوعی، رفع این چالش‌ها برای استفاده قابل اعتماد و موثر از این فناوری‌ها در علوم قانونی، حیاتی خواهد بود.

تأییدیه اخلاقی: موردی برای گزارش وجود ندارد.

تعارض منافع: دو نویسنده این مقاله اعلام داشتند هیچ‌گونه تعارض منافی وجود ندارد.

سهم نویسندگان: هر دو نویسنده سهم یکسانی در نگارش مقاله داشتند. منابع مالی: موردی برای گزارش وجود ندارد.

References

1. He Q, Niu X, Qi RQ, Liu M. Advances in microbial metagenomics and artificial intelligence analysis in forensic identification. *Front Microbiol.* 2022;13:1046733. doi: [10.3389/fmicb.2022.1046733](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1046733).
2. Yuan H, Wang Z, Wang Z, Zhang F, Guan D, Zhao R. Trends in forensic microbiology: from classical methods to deep learning. *Front Microbiol.* 2023;14:1163741. doi: [10.3389/fmicb.2023.1163741](https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1163741).
3. Wang MG, Wu SQ, Zhang MM, He JQ. Urine metabolomics and microbiome analyses reveal the mechanism of anti-tuberculosis drug-induced liver injury, as assessed for causality using the updated RUCAM: A prospective study. *Front. Immunol.* 2022;13:1002126. doi: [10.3389/fimmu.2022.1002126](https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.1002126).
4. Li J, Wu YJ, Liu MF, Li N, Dang LH, An GS, et al. Multi-omics integration strategy in the post-mortem interval of forensic science. *Talanta.* 2024;268:125249. doi: [10.1016/j.talanta.2023.125249](https://doi.org/10.1016/j.talanta.2023.125249).
5. Cui C, Song Y, Mao D, Cao Y, Qiu B, Gui P, et al. Predicting the postmortem interval based on gravesoil microbiome data and a random forest model. *Microorganisms.* 2022;11(1):56. doi: [10.3390/microorganisms11010056](https://doi.org/10.3390/microorganisms11010056).