

- از جرقه تا انقلاب: تاریخچه‌ای کوتاه از هوش مصنوعی در زیست‌فناوری..... ۲
۱. مقدمه کوتاه ۲
۲. بیوتکنولوژی مدرن از کجا شروع شد؟ (مرور تاریخی کوتاه از ریشه‌ها: از مهندسی ژنتیک پایه تا انفجار داده‌ها)..... ۲
- اولین گام‌های مهندسی ژنتیک در دهه‌های ۱۹۷۰ و ۱۹۸۰ ۲
- اولیه‌ترین کاربردهای سامانه‌های کامپیوتری در طراحی و تحلیل پلاسمیدهای بازترکیب ۳
- نحوه مواجهه با حجم فزاینده داده‌های بیولوژیک در اواخر دهه ۱۹۸۰ و اوایل دهه ۱۹۹۰ (انفجار داده‌ها) ۳
۳. نیم‌نگاهی به دهه‌های اولیه هوش مصنوعی در زیست‌فناوری (۱۹۵۰-۱۹۸۰) ۵
- اولین الگوریتم‌های تشخیص ساختار مولکولی (دهه ۱۹۶۰) ۵
- پروژه‌های اولیه «حسابگرهای زیستی» (Biocomputing) در دهه ۱۹۷۰ و ابزارهای آماری و مدل‌های ساده ۵
- استفاده آزمایشی از شبکه‌های عصبی مصنوعی (ANN) برای طبقه‌بندی داده‌های میکروارگانیزمی (دهه ۱۹۷۰) ۶
۴. ورود به عصر بیوانفورماتیک (۱۹۹۰-۲۰۰۰) ۶
- پیشرفت روش توالی‌یابی Sanger و نیاز به تحلیل‌های کامپیوتری ۶
- ظهور نرم‌افزارهای جستجوی BLAST و تأثیر آن بر مطالعات ژن‌ها و پروتئین‌ها ۷
- استفاده محدود از روش‌های درخت تصمیم (Decision Trees) برای پیش‌بینی عملکرد پروتئین‌ها در دهه ۱۹۹۰ ۷
۵. تحول بزرگ با انفجار داده‌های ژنومی (۲۰۰۰-۲۰۱۰) ۸
- مرور پروژه ژنوم انسان (Human Genome Project) و انتشار نتایج نهایی در سال ۲۰۰۳ ۸
- نقش ظهور میکروآرایه‌ها (Microarray) و استفاده از روش‌های یادگیری ماشین (Machine Learning) برای تحلیل داده‌های میکروآرایه در میانه دهه ۲۰۰۰ (۲۰۰۵-۲۰۰۷) ۹
- آغاز آزمایش‌های اولیه شبکه‌های عصبی عمیق (Deep Neural Networks) بر روی تصاویر میکروسکوپی از حدود سال ۲۰۱۰ ۹
- تحلیل چگونگی زمینه‌سازی این تحولات برای عصری جدید در تحقیقات زیست‌فناوری ۱۰
۶. انتقال به عصر هوش مصنوعی قوی (۲۰۱۰ تا کنون - سال ۲۰۲۵) ۱۱
- ورود تکنیک‌های یادگیری عمیق به حوزه زیست‌فناوری و اشاره به پروژه AlphaFold برای پیش‌بینی ساختار پروتئین ۱۱
- معرفی استارت‌آپ‌هایی مانند Basecamp Research (سال ۲۰۲۵) که با استفاده از DNA محیطی (eDNA) بانک‌های ژنومی ایجاد می‌کنند ۱۱
- مرور کوتاه وضعیت فعلی در سال ۲۰۲۵: بررسی ترندهای نوظهور در ادغام AI با زیست‌فناوری، همکاری‌های دانشگاهی-صنعتی، و ضرورت فصل‌های بعدی ۱۲
۷. نتیجه‌گیری ۱۳
- فهرست منابع ۱۵



از جرقه تا انقلاب: تاریخچه‌ای کوتاه از هوش مصنوعی در زیست‌فناوری

۱. مقدمه کوتاه

زیست‌فناوری، به عنوان حوزه‌ای که به دستکاری سیستم‌های زیستی برای تولید محصولات یا ارائه خدمات می‌پردازد، همواره در خط مقدم نوآوری‌های علمی قرار داشته است. با این حال، پیچیدگی ذاتی سیستم‌های بیولوژیکی و حجم فزاینده داده‌های تولید شده در این حوزه، نیاز به ابزارهای تحلیلی قدرتمند را بیش از پیش آشکار ساخته است. ورود هوش مصنوعی (AI) به این عرصه، نه تنها سرعت کشفیات را افزایش داده، بلکه امکان حل مسائلی را فراهم آورده که پیش از این غیرقابل تصور بودند. این همگرایی، انقلابی در درک ما از حیات و توانایی ما در مهندسی آن ایجاد کرده است.

هدف این گزارش، ارائه یک تاریخچه جامع و دقیق از سیر تکاملی هوش مصنوعی در زیست‌فناوری است. این مسیر از اولین جرقه‌های استفاده از محاسبات در زیست‌شناسی آغاز شده و به دوران انقلاب هوش مصنوعی قوی در سال‌های اخیر می‌رسد. این گزارش به بررسی چگونگی ظهور بیوتکنولوژی مدرن، نیازهای محاسباتی که در هر دوره پدید آمدند، و پاسخ‌هایی که هوش مصنوعی به این نیازها ارائه داد، خواهد پرداخت. درک این سیر تکاملی برای شناخت تأثیرات عمیق این تلفیق بر پیشرفت‌های علمی و آینده پژوهش‌های زیستی ضروری است.

۲. بیوتکنولوژی مدرن از کجا شروع شد؟ (مرور تاریخی کوتاه از ریشه‌ها: از مهندسی ژنتیک پایه تا انفجار داده‌ها)

اولین گام‌های مهندسی ژنتیک در دهه‌های ۱۹۷۰ و ۱۹۸۰

بیوتکنولوژی مدرن ریشه‌های خود را در دهه‌های ۱۹۷۰ و ۱۹۸۰ میلادی جستجو می‌کند، زمانی که توانایی دستکاری مستقیم DNA فراهم شد. یکی از نقاط عطف اصلی، کار پیشگامانه استنلی کوهن (Stanley Cohen) و هربرت بویر (Herbert Boyer) در سال ۱۹۷۳ بود. آن‌ها با استفاده از آنزیم‌های محدودکننده، توانستند یک حلقه پلاسمید را از یک گونه باکتری برش داده، ژنی از گونه‌ای دیگر را در آن وارد کرده و پلاسمید را دوباره بسته‌بندی کنند.^۱ این دستاورد منجر به ایجاد مولکول DNA نوترکیب شد و سنگ بنای فناوری DNA نوترکیب و صنعت بیوتکنولوژی را بنا نهاد.^۱

یوشوا لدربرگ (Joshua Lederberg) نیز نقش محوری در این زمینه ایفا کرد. او اصطلاح «پلاسمید» را در سال ۱۹۵۲ برای عناصر ژنتیکی خارج کروموزومی که قادر به تکثیر مستقل هستند، ابداع کرده



بود.⁴ در دهه‌های ۱۹۷۰، کار او و دیگران بر روی پلاسمیدها به عنوان ابزاری برای انتقال DNA به گونه‌های مختلف، از جمله انتقال ژن‌های انسانی مانند انسولین به باکتری‌ها، به مهندسی ژنتیک شکل داد.⁴ این کشفیات نشان داد که موانع طبیعی در برابر بقای DNA کمتر از آنچه تصور می‌شد، محدودکننده هستند و پروتکلی را برای انجام مهندسی ژنتیک در بسیاری از آزمایشگاه‌ها فراهم آورد.⁷ به عنوان مثال، شرکت Genentech در سال ۱۹۸۲ با وارد کردن ژن‌های انسولین انسانی به باکتری‌های *E. coli*، اولین داروی DNA نوترکیب (انسولین انسانی) را تولید کرد.¹⁰

اولیه‌ترین کاربردهای سامانه‌های کامپیوتری در طراحی و تحلیل پلاسمیدهای بازترکیب

با افزایش پیچیدگی دستکاری‌های ژنتیکی، نیاز به ابزارهای محاسباتی برای مدیریت و تحلیل داده‌ها پدید آمد. در اوایل دهه ۱۹۸۰، برنامه‌های کامپیوتری مستقلی برای نمایش و ذخیره داده‌های پلاسمیدها توسعه یافتند.¹¹ این نرم‌افزارهای اولیه به زیست‌شناسان مولکولی کمک می‌کردند تا نقشه‌های پلاسمید را تولید کرده و مناطق کلیدی توالی و مکان‌های برش آنزیم‌های محدودکننده را شناسایی و تحلیل کنند.¹¹ این گام‌های اولیه، هرچند ساده، نشان‌دهنده آغاز وابستگی زیست‌فناوری به قدرت پردازش کامپیوترها بود.

نحوه مواجهه با حجم فزاینده داده‌های بیولوژیک در اواخر دهه ۱۹۸۰ و اوایل دهه ۱۹۹۰ (انفجار داده‌ها)

روش توالی‌یابی سنگر (Sanger sequencing) که توسط فردریک سنگر در سال ۱۹۷۷ معرفی شد¹³، کیفیت و سادگی بی‌سابقه‌ای را در تعیین توالی DNA به ارمغان آورد.¹⁶ با این حال، در اواخر دهه ۱۹۸۰ و اوایل دهه ۱۹۹۰، با پیشرفت و اتوماسیون این روش¹⁸، حجم داده‌های توالی‌یابی شده به سرعت افزایش یافت.¹⁷ این "انفجار داده‌ها" به یک چالش بزرگ تبدیل شد؛ زیرا تحلیل دستی توالی‌های طولانی غیرممکن بود و نیاز مبرمی به روش‌های محاسباتی برای ذخیره‌سازی، پردازش و تحلیل این اطلاعات عظیم پدید آمد.¹³ در آن زمان، دانشمندان تنها می‌توانستند چند جفت باز را در سال توالی‌یابی کنند، که برای یک ژن کامل نیز کافی نبود، چه رسد به ژنوم‌های بزرگ‌تر.¹³

برای مدیریت این حجم بی‌سابقه از داده‌ها، نیاز به پایگاه‌های داده متمرکز احساس شد. در پاسخ به این نیاز، اولین بانک‌های توالی DNA تأسیس شدند. کتابخانه داده‌های توالی نوکلئوتیدی EMBL (EMBL Nucleotide Sequence Data Library)، که اکنون به عنوان آرشیو نوکلئوتیدی اروپا (European Nucleotide Archive) شناخته می‌شود، در سال ۱۹۸۰ در EMBL هایدلبرگ راه‌اندازی شد.²⁸ به دنبال آن، GenBank در سال ۱۹۸۲ توسط والتر گود (Walter Goad) و آزمایشگاه ملی لس آلاموس (Los Alamos National Laboratory) در ایالات متحده تأسیس شد.²⁹ هدف اصلی



این پایگاه‌ها، جمع‌آوری و در دسترس قرار دادن توالی‌های DNA و پروتئین برای جامعه علمی بود.²⁸ این بانک‌های اطلاعاتی نقش حیاتی در پرورش و توسعه حوزه نوظهور زیست‌فناوری محاسباتی (بیوانفورماتیک) ایفا کردند، زیرا بستری برای تحلیل‌های مقایسه‌ای و کشف الگوهای بیولوژیکی فراهم آوردند.

این دوره نشان‌دهنده یک هم‌افزایی متقابل بین پیشرفت‌های آزمایشگاهی و نیازهای محاسباتی بود. کشف مهندسی ژنتیک و توانایی دستکاری DNA منجر به تولید داده‌های توالی شد. افزایش حجم این داده‌ها به سرعت از ظرفیت تحلیل دستی فراتر رفت. این ناتوانی، به نوبه خود، نیاز مبرمی به ابزارهای محاسباتی برای ذخیره‌سازی و تحلیل داده‌ها را ایجاد کرد که منجر به تأسیس بانک‌های داده و توسعه نرم‌افزارهای اولیه شد. این چرخه نشان می‌دهد که پیشرفت در یک حوزه (بیوتکنولوژی آزمایشگاهی) بلافاصله نیاز به پیشرفت در حوزه دیگر (محاسبات) را ایجاد می‌کند و بالعکس. این هم‌افزایی متقابل، یک الگوی تکرارشونده در تاریخ همگرایی هوش مصنوعی و زیست‌فناوری است. به جای اینکه هوش مصنوعی صرفاً یک ابزار جانبی باشد، به یک جزء جدایی‌ناپذیر و کاتالیزور برای پیشرفت‌های بیوتکنولوژی تبدیل شده است. این الگو نشان می‌دهد که هرچه داده‌های بیولوژیکی پیچیده‌تر و حجیم‌تر می‌شوند، نیاز به هوش مصنوعی قوی‌تر و پیچیده‌تر نیز افزایش می‌یابد.

با ظهور توالی‌یابی پرسرعت و بانک‌های داده، حجم اطلاعات بیولوژیکی به حدی رسید که دیگر نمی‌توانست تنها با روش‌های آزمایشگاهی تفسیر شود. نیاز به "تحلیل‌های کامپیوتری برای ذخیره و آنالیز داده‌ها"²² و "تفسیر داده‌ها با بیوانفورماتیک"²⁷ نشان‌دهنده انتقال از یک علم صرفاً تجربی به یک علم داده‌محور است. این تغییر پارادایم، بیوانفورماتیک را به عنوان یک رشته مستقل و حیاتی مطرح کرد. این بدان معناست که دیگر صرفاً تولید داده کافی نیست؛ بلکه توانایی مدیریت، تحلیل و استخراج معنی از این داده‌ها به همان اندازه (و شاید بیشتر) اهمیت پیدا کرده است. این تحول، زمینه‌ساز سرمایه‌گذاری‌های آتی در حوزه بیوانفورماتیک و هوش مصنوعی در زیست‌شناسی شد.

همچنین، تشکیل بانک‌های توالی عمومی مانند GenBank و EMBL که توسط نهادهای دولتی و دانشگاهی حمایت می‌شدند، دسترسی آزاد به داده‌ها را برای همه محققان فراهم کرد. این دسترسی آزاد، برخلاف مدل‌های اختصاصی، به اشتراک‌گذاری دانش و همکاری‌های گسترده‌تر را تشویق کرد. این اقدام، یک زیرساخت عمومی حیاتی برای رشد بیوانفورماتیک و هوش مصنوعی در زیست‌فناوری ایجاد کرد. بدون این پایگاه‌های داده مشترک، توسعه الگوریتم‌ها و نرم‌افزارهای تحلیلی به مراتب کندتر و محدودتر می‌شد. این نشان می‌دهد که سرمایه‌گذاری در زیرساخت‌های داده‌ای باز، نقش



۳. نیم‌نگاهی به دهه‌های اولیه هوش مصنوعی در زیست‌فناوری (۱۹۵۰-۱۹۸۰)

اولین الگوریتم‌های تشخیص ساختار مولکولی (دهه ۱۹۶۰)

در دهه ۱۹۶۰، با ظهور اولین مفاهیم هوش مصنوعی، تلاش‌هایی برای به‌کارگیری آن در زیست‌شناسی مولکولی آغاز شد. یکی از پروژه‌های پیشگام در این زمینه، پروژه DENDRAL بود که در سال ۱۹۶۵ توسط ادوارد فیگنباوم (Edward Feigenbaum)، جاشوا لدربرگ (Joshua Lederberg) و همکارانشان در دانشگاه استنفورد آغاز شد. DENDRAL³¹ یک سیستم خبره (expert system) بود که هدف اصلی آن مطالعه فرضیه‌سازی و کشف در علم بود.³³ این سیستم قادر بود با تحلیل داده‌های طیف‌سنجی جرمی (mass spectrometry)، ساختار مولکولی ترکیبات آلی ناشناخته را فرضیه‌سازی کند و حتی ساختارهای شیمیایی ممکن را نیز تولید می‌کرد.³² این پروژه، اولین نمونه از کاربرد هوش مصنوعی برای حل مسائل پیچیده در شیمی و زیست‌شناسی بود و نشان‌دهنده پتانسیل ماشین‌ها برای کمک به دانشمندان در فرایند کشف علمی بود. این تلاش‌ها نشان داد که هوش مصنوعی می‌تواند فراتر از صرفاً حل مسائل منطقی و از پیش تعریف شده، به فرآیندهای خلاقانه و اکتشافی در علم کمک کند.

پروژه‌های اولیه «حسابگرهای زیستی» (Biocomputing) در دهه ۱۹۷۰ و ابزارهای آماری و مدل‌های ساده

اصطلاح «بیوانفورماتیک» خود برای اولین بار در سال ۱۹۷۰ توسط پاولین هوگوینگ (Paulien Hogeweg) و بن هسپر (Ben Hesper) ابداع شد و به مطالعه فرآیندهای اطلاعاتی در سیستم‌های زیستی اشاره داشت.³⁴ این تعریف گسترده‌تر از صرفاً تحلیل توالی DNA بود و شامل مدل‌سازی، تحلیل سیستم‌ها و درک اطلاعات بیولوژیکی در سطوح مختلف می‌شد. در دهه ۱۹۷۰، با افزایش داده‌های توالی DNA، نیاز به الگوریتم‌های اطلاعاتی و آماری برای تجزیه و تحلیل توالی‌های نوکلئوتیدی گسترش یافت.³⁴ اگرچه منابع مستقیماً به مقاله‌ای از Slagle در سال ۱۹۷۸ در مورد مدل‌های آماری در بیوانفورماتیک اولیه اشاره نمی‌کنند، اما کار Slagle در اوایل دهه ۱۹۶۰ در زمینه حل مسائل انتگرال تحلیلی با استفاده از درختان AND-OR³⁶ نشان‌دهنده رویکردهای محاسباتی و آماری اولیه در هوش مصنوعی بود که می‌توانستند زمینه‌ساز کاربردهای بعدی در بیوانفورماتیک شوند. همچنین، تلاش‌هایی برای استفاده از روش‌های آماری برای خوشه‌بندی آرایه‌های داده³⁹ نیز در این دوره صورت گرفت که پایه‌های تحلیل داده‌های بیولوژیکی را بنا نهاد. این مفهوم‌سازی اولیه بیوانفورماتیک نشان می‌دهد که این رشته صرفاً یک ابزار برای مدیریت داده‌های ژنومی نیست، بلکه



یک رشته علمی است که به دنبال درک عمیق‌تر از "اطلاعات" در زیست‌شناسی است و این دیدگاه گسترده، زمینه‌ساز کاربردهای متنوع هوش مصنوعی در حوزه‌هایی فراتر از ژنومیک، مانند پروتئومیک و زیست‌شناسی سیستم‌ها شد.

استفاده آزمایشی از شبکه‌های عصبی مصنوعی (ANN) برای طبقه‌بندی داده‌های میکروارگانیزمی (دهه ۱۹۷۰)

شبکه‌های عصبی مصنوعی (ANN) که در دهه‌های ۱۹۵۰ و ۱۹۶۰ توسعه یافتند، در دهه ۱۹۷۰ نیز به صورت آزمایشی در حوزه‌های زیستی مورد بررسی قرار گرفتند. اگرچه این دوره به "زمستان هوش مصنوعی" معروف است و تحقیقات کمی در این زمینه انجام شد⁴⁰، اما ایده‌های اولیه در مورد کاربرد ANN برای طبقه‌بندی داده‌ها وجود داشت. به عنوان مثال، کارهای اولیه در زمینه طبقه‌بندی باکتری‌ها با استفاده از سیستم‌های کامپیوتری و سپس شبکه‌های عصبی مصنوعی در دهه‌های ۱۹۵۰ و ۱۹۶۰ آغاز شد.⁴¹ هدف این تلاش‌ها، خودکارسازی طبقه‌بندی باکتری‌ها بود که به صورت دستی کاری دشوار و زمان‌بر محسوب می‌شد.⁴¹ کتاب "پردازش موازی توزیع‌شده" (Parallel Distributed Processing) توسط رومل‌هارت و مک‌کلند⁴⁴ که در سال ۱۹۸۶ منتشر شد، هرچند پس از دهه ۱۹۷۰ است، اما خلاصه‌ای از تحقیقات و ایده‌هایی را ارائه می‌دهد که ریشه‌های آن‌ها به دهه‌های قبل بازمی‌گردد و پایه و اساس استفاده گسترده‌تر از ANN در سیستم‌های زیست‌پزشکی، از جمله برای طبقه‌بندی، را فراهم آورد.⁴⁴ این کاربردهای اولیه، هرچند محدود، نشان‌دهنده پتانسیل ANN در تحلیل الگوهای پیچیده در داده‌های بیولوژیکی بود. این دوره نشان می‌دهد که حتی با وجود ایده‌های پیشگامانه، عدم بلوغ فناوری‌های زیربنایی (مانند قدرت محاسباتی و حجم داده‌های کافی) می‌تواند مانع از تحقق پتانسیل کامل هوش مصنوعی شود. این "زمستان" اهمیت همگامی پیشرفت‌های نظری هوش مصنوعی با قابلیت‌های عملیاتی را برجسته می‌کند و توضیح می‌دهد که چرا کاربردهای گسترده‌تر هوش مصنوعی در بیوتکنولوژی تا دهه‌های بعد به تعویق افتاد.

۴. ورود به عصر بیوانفورماتیک (۱۹۹۰-۲۰۰۰)

پیشرفت روش توالی‌یابی Sanger و نیاز به تحلیل‌های کامپیوتری

در دهه ۱۹۹۰، روش توالی‌یابی سَنگر، که در سال ۱۹۷۷ توسط فردریک سَنگر و همکارانش ابداع شده بود¹³، با معرفی اتوماسیون و استفاده از رنگ‌های فلورسنت¹⁸، به سرعت و کارایی بی‌سابقه‌ای دست یافت.¹⁶ این پیشرفت‌ها منجر به تولید حجم عظیمی از داده‌های توالی DNA شد که تحلیل دستی آن‌ها غیرممکن بود. این "انفجار داده‌ها" نیاز مبرمی به ابزارهای محاسباتی پیشرفته برای هم‌ترازی، جستجو و تحلیل توالی‌ها را ایجاد کرد و بیوانفورماتیک را به یک رشته حیاتی تبدیل نمود.¹³



ظهور نرم افزارهای جستجوی BLAST و تأثیر آن بر مطالعات ژن ها و پروتئین ها

در پاسخ به نیاز فزاینده برای مقایسه توالی های بیولوژیکی، ابزاری انقلابی به نام BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) در سال ۱۹۹۰ توسط آلتشول (Altschul) و همکارانش معرفی شد.⁴⁵ BLAST یک الگوریتم اکتشافی (heuristic) بود که امکان جستجوی سریع و هم تراز توالی های DNA و پروتئین را در پایگاه های داده عظیم فراهم می آورد.⁴⁵ این نرم افزار به سرعت به یکی از پرکاربردترین ابزارهای بیوانفورماتیک تبدیل شد و مقاله اصلی آن پراچایت ترین مقاله دهه ۱۹۹۰ بود.⁴⁵ تأثیر BLAST بر مطالعات ژن ها و پروتئین ها بی نظیر بود، زیرا به دانشمندان اجازه می داد تا عملکرد و روابط تکاملی ژن های تازه کلون شده را بر اساس شباهت توالی آن ها با ژن های شناخته شده استنباط کنند.⁴⁵

این دوره نشان دهنده گذار از صرف "مدیریت داده" به "استخراج دانش" با ظهور ابزارهای پیشرفته بود. در بخش قبلی، نیاز به بانک های داده برای ذخیره سازی داده های توالی مطرح شد. با ظهور ابزارهایی مانند BLAST، تمرکز از صرف ذخیره سازی به جستجو و مقایسه و استنباط عملکرد تغییر کرد. این نشان می دهد که بیوانفورماتیک در حال گذار از یک مرحله مدیریت داده به مرحله ای است که هدف آن استخراج دانش و بینش های بیولوژیکی از داده های خام است. این گذار، نقش بیوانفورماتیک را از یک پشتیبان فنی به یک نیروی محرکه در کشفیات بیولوژیکی ارتقا داد. ابزارهایی مانند BLAST به محققان این امکان را دادند که فراتر از توالی های منفرد فکر کنند و به روابط تکاملی، ساختار و عملکرد پروتئین ها بپردازند، که این خود زمینه ساز پروژه های بزرگ تر ژنومیک شد.

استفاده محدود از روش های درخت تصمیم (Decision Trees) برای پیش بینی عملکرد پروتئین ها در دهه ۱۹۹۰

در دهه ۱۹۹۰، با افزایش حجم داده های پروتئینی، روش های یادگیری ماشین مانند درختان تصمیم (Decision Trees) برای پیش بینی عملکرد پروتئین ها مورد استفاده قرار گرفتند. درختان تصمیم، الگوریتم های یادگیری نظارت شده ای هستند که داده ها را بر اساس ویژگی هایشان به صورت بازگشتی تقسیم بندی می کنند و برای طبقه بندی یا پیش بینی به کار می روند.⁵⁰ در این دوره، محققان از ویژگی های مشتق شده از توالی پروتئین ها (sequence-derived features) مانند ترکیب اسیدهای آمینه، وزن مولکولی و هیدروفوبیسیته برای آموزش این مدل ها استفاده می کردند.⁵¹ اگرچه کاربرد این روش ها در ابتدا محدود و بیشتر بر پایه ویژگی های بیوشیمیایی یا محتوای دامنه های پروتئینی بود⁵¹، اما آن ها نشان دهنده پتانسیل یادگیری ماشین در استخراج الگوها و پیش بینی عملکرد پروتئین ها از داده های توالی بودند.⁵⁴



استفاده از درختان تصمیم برای پیش‌بینی عملکرد پروتئین‌ها در دهه ۱۹۹۰، هرچند نویدبخش بود، اما هنوز "محدود" توصیف می‌شود. این محدودیت احتمالاً به دلیل حجم و کیفیت داده‌های آموزشی موجود در آن زمان و همچنین پیچیدگی مدل‌های آماری ساده‌تر بود. این نشان می‌دهد که پتانسیل کامل هوش مصنوعی تنها با دسترسی به "داده‌های بزرگ" و الگوریتم‌های پیچیده‌تر محقق می‌شود. این مشاهده، پیش‌بینی‌کننده "انفجار داده‌های ژنومی" در دهه بعدی است. مشخص شد که برای حل مسائل پیچیده‌تر بیولوژیکی، نیاز به مقیاس‌پذیری داده‌ها و الگوریتم‌ها وجود دارد. این محدودیت‌ها، محرکی برای توسعه فناوری‌های توالی‌یابی با توان عملیاتی بالا و الگوریتم‌های یادگیری ماشین قوی‌تر در آینده شد.

BLAST به عنوان یک "ابزار هم‌ترازی محلی" معرفی شد. این تأکید بر هم‌ترازی توالی، نشان‌دهنده این است که در آن زمان، شباهت توالی به عنوان اصلی‌ترین سرخ برای استنباط عملکرد و روابط بیولوژیکی در نظر گرفته می‌شد. این مفهوم، پایه و اساس بسیاری از تحلیل‌های بیوانفورماتیکی اولیه بود. این رویکرد نشان می‌دهد که درک "شباهت" در سطح مولکولی، یک گام حیاتی در بیوانفورماتیک اولیه بود. این مفهوم، بعدها به عنوان یک "ویژگی" در مدل‌های یادگیری ماشین نیز به کار گرفته شد، که نشان‌دهنده پایداری و اهمیت این ایده بنیادی در طول تکامل هوش مصنوعی در بیوتکنولوژی است.

۵. تحول بزرگ با انفجار داده‌های ژنومی (۲۰۰۰-۲۰۱۰)

مرور پروژه ژنوم انسان (Human Genome Project) و انتشار نتایج نهایی در سال ۲۰۰۳

پروژه ژنوم انسان (HGP)، یک تلاش علمی بی‌سابقه بین‌المللی، در سال ۲۰۰۳ با توالی‌یابی تقریباً ۳ میلیارد جفت باز DNA که ژنوم انسان را تشکیل می‌دهند، به پایان رسید.^{۶۰} پیش‌نویس اولیه ژنوم انسان در سال ۲۰۰۱ منتشر شد.^{۶۱} این پروژه، که با استفاده از فناوری توالی‌یابی سبک انجام شد، میلیاردها دلار هزینه و سال‌ها زمان برد.^{۱۳} در سال ۲۰۰۳، جی. کریگ وینتر (J. Craig Venter) و همکارانش نیز نتایج توالی‌یابی ژنوم دیپلوئید یک فرد را منتشر کردند که ۶۰٪ از ژنوم سلرا (Celera genome) را تشکیل می‌داد و تنوع ژنتیکی بین کروموزوم‌های والدین را برای اولین بار مشخص کرد.^{۶۵} تکمیل این پروژه، حجم بی‌سابقه‌ای از داده‌های ژنومی را تولید کرد و نیاز به روش‌های محاسباتی پیشرفته برای تحلیل این اطلاعات را بیش از پیش ضروری ساخت.^{۱۳}

پروژه ژنوم انسان نه تنها حجم عظیمی از داده‌های توالی را تولید کرد، بلکه به عنوان یک "مدل" برای پروژه‌های بزرگ مقیاس داده‌محور در زیست‌شناسی عمل کرد. این پروژه، نیاز به "تکنیک‌های



جدید برای تحلیل داده‌های عظیم¹³ را به وضوح نشان داد و سرمایه‌گذاری در فناوری‌های توالی‌یابی پرتوان و بیوانفورماتیک را توجیه کرد. HGP صرفاً یک دستاورد علمی نبود، بلکه یک محرک بزرگ برای توسعه زیرساخت‌ها و روش‌های محاسباتی در زیست‌شناسی بود. این پروژه، به طور غیرمستقیم، زمینه را برای ظهور یادگیری ماشین و یادگیری عمیق در زیست‌فناوری فراهم کرد، زیرا حجم داده‌های تولید شده از آن به بعد، تنها با این ابزارها قابل مدیریت و تحلیل بود.

نقش ظهور میکروآرایه‌ها (Microarray) و استفاده از روش‌های یادگیری ماشین (Machine Learning) برای تحلیل داده‌های میکروآرایه در میانه دهه ۲۰۰۰ (۲۰۰۵-۲۰۰۷)

در میانه دهه ۲۰۰۰، فناوری میکروآرایه (Microarray) به عنوان ابزاری قدرتمند برای پایش همزمان الگوهای بیان هزاران ژن تحت شرایط مختلف، ظهور کرد و حجم زیادی از داده‌های بیان ژن را فراهم آورد.⁶⁸ این داده‌ها، که به دلیل ابعاد بالا و تعداد نمونه‌های نسبتاً کم، چالش‌های منحصر به فردی را برای تحلیل ایجاد می‌کردند⁶⁹، بستری مناسب برای کاربرد روش‌های یادگیری ماشین (ML) فراهم آوردند. تکنیک‌های ML مانند k-nearest neighbor (k-SVM (Support Vector Machine)، درختان تصمیم و شبکه‌های عصبی چندلایه (multi-layer perceptron) به طور گسترده‌ای برای طبقه‌بندی سرطان‌ها و تحلیل داده‌های میکروآرایه مورد استفاده قرار گرفتند.⁶⁸ به عنوان مثال، مطالعه گلب (Golub) و همکاران در سال ۱۹۹۹ نشان داد که چگونه می‌توان موارد جدید سرطان را با پایش بیان ژن (از طریق میکروآرایه DNA) طبقه‌بندی کرد.⁷⁰ همچنین، مک‌لاکلان (McLachlan) و همکاران در سال ۲۰۰۶ بر تحلیل آماری داده‌های میکروآرایه با استفاده از مدل‌های مخلوط نرمال و روش‌های یادگیری ماشین تمرکز کردند⁷³، که نشان‌دهنده بلوغ کاربرد ML در این حوزه بود.

این همگرایی، نشان‌دهنده پتانسیل هوش مصنوعی در تبدیل داده‌های "اومیکس" (مانند ترانسکریپتومیکس) به بینش‌های بالینی بود. میکروآرایه‌ها امکان پایش "بیان هزاران ژن به طور همزمان" را فراهم کردند. ترکیب این داده‌ها با یادگیری ماشین برای "طبقه‌بندی سرطان" نشان‌دهنده اولین تلاش‌های سیستماتیک برای درک تنوع بیولوژیکی در بیماری‌ها و حرکت به سمت درمان‌های هدفمند بود. اگرچه هنوز به پزشکی شخصی‌سازی‌شده کامل نرسیده بود، اما این گام‌ها، پایه و اساس آن را بنا نهادند. چالش‌های داده‌های میکروآرایه (ابعاد بالا، نمونه کم) نیز محرکی برای توسعه روش‌های انتخاب ویژگی (feature selection) و الگوریتم‌های ML مقاوم‌تر شد که در نهایت به پیشرفت‌های بعدی در پزشکی شخصی‌سازی‌شده کمک کرد.

آغاز آزمایش‌های اولیه شبکه‌های عصبی عمیق (Deep Neural Networks) بر روی تصاویر



میکروسکوپی از حدود سال ۲۰۱۰

حدود سال ۲۰۱۰، با پیشرفت‌های چشمگیر در الگوریتم‌های یادگیری عمیق (Deep Learning) و افزایش قدرت محاسباتی، آزمایش‌های اولیه شبکه‌های عصبی عمیق (DNN) بر روی تصاویر بیولوژیکی آغاز شد. این تکنیک‌ها، به ویژه شبکه‌های عصبی کانولوشنال (Convolutional Neural Networks - CNN)، توانایی استخراج ویژگی‌های پیچیده را مستقیماً از مقادیر پیکسل تصاویر داشتند.⁷⁶ یکی از مطالعات نمادین در این زمینه، کار سیرسان (Ciresan) و همکاران در سال ۲۰۱۲ بود که نشان داد چگونه DNNها می‌توانند غشاهای عصبی را در تصاویر میکروسکوپ الکترونی با دقت بالا بخش‌بندی کنند و حتی از عملکرد یک ناظر انسانی دوم نیز پیشی بگیرند.⁷⁷ این موفقیت‌ها، به ویژه پس از پیروزی در چالش تشخیص بصری در مقیاس بزرگ ImageNet در سال ۲۰۱۲⁷⁶، استفاده از یادگیری عمیق را برای تحلیل تصاویر پزشکی و بیولوژیکی رواج داد و زمینه‌ساز کاربردهای گسترده‌تر آن در دهه‌های بعدی شد.

موفقیت Ciresan و همکاران در بخش‌بندی تصاویر میکروسکوپ الکترونی با DNN نشان‌دهنده یک نقطه عطف بود. این اولین بار بود که یادگیری عمیق توانایی خود را در تحلیل داده‌های "غیرتوالی" و پیچیده مانند تصاویر بیولوژیکی نشان داد. این موفقیت، به دلیل توانایی DNNها در "یادگیری بازنمایی ویژگی‌ها مستقیماً از مقادیر پیکسل"، راه را برای کاربردهای گسترده‌تر در تشخیص پزشکی و تصویربرداری زیستی باز کرد. این نشان می‌دهد که یادگیری عمیق نه تنها برای داده‌های ساختاریافته (مانند توالی‌ها) بلکه برای داده‌های غیرساختاریافته (مانند تصاویر) نیز کارایی دارد. این قابلیت، دامنه کاربرد هوش مصنوعی در زیست‌فناوری را به شدت گسترش داد و به حوزه‌هایی مانند پاتولوژی دیجیتال، تشخیص بیماری‌ها از روی تصاویر پزشکی و غربالگری دارویی با سرعت بالا کمک کرد.

تحلیل چگونگی زمینه‌سازی این تحولات برای عصری جدید در تحقیقات زیست‌فناوری

پروژه ژنوم انسان، با تولید حجم بی‌سابقه‌ای از داده‌های توالی، نه تنها نیاز به بیوانفورماتیک را تثبیت کرد، بلکه به عنوان یک کاتالیزور برای توسعه فناوری‌های توالی‌یابی نسل بعدی و ابزارهای محاسباتی پیشرفته عمل کرد. ظهور میکروآرایه‌ها، با امکان پایش بیان ژن در مقیاس وسیع، و کاربرد یادگیری ماشین در تحلیل این داده‌ها، به دانشمندان اجازه داد تا الگوهای پیچیده مرتبط با بیماری‌ها (مانند سرطان) را شناسایی کنند. این توانایی‌ها، در کنار آغاز به کارگیری شبکه‌های عصبی عمیق در تحلیل تصاویر میکروسکوپی، نشان‌دهنده بلوغ هوش مصنوعی در درک و تفسیر داده‌های بیولوژیکی بود. این دوره، با فراهم آوردن داده‌های عظیم و الگوریتم‌های قدرتمند، نه تنها ابزارهای



جدیدی را در اختیار زیست‌شناسان قرار داد، بلکه زمینه‌ساز حل چالش‌های بزرگ و دیرینه در زیست‌فناوری، مانند پیش‌بینی ساختار پروتئین‌ها، در دهه‌های بعدی شد. این تحولات، عصر جدیدی را در تحقیقات زیست‌فناوری آغاز کردند که در آن، هوش مصنوعی به یک ستون فقرات اصلی برای کشف و نوآوری تبدیل شد.

۶. انتقال به عصر هوش مصنوعی قوی (۲۰۱۰ تا کنون - سال ۲۰۲۵)

ورود تکنیک‌های یادگیری عمیق به حوزه زیست‌فناوری و اشاره به پروژه AlphaFold برای پیش‌بینی ساختار پروتئین

از سال ۲۰۱۰ به بعد، تکنیک‌های یادگیری عمیق (Deep Learning) به طور فزاینده‌ای وارد حوزه زیست‌فناوری شدند و توانایی‌های بی‌نظیری را در حل مسائل دیرینه این علم به نمایش گذاشتند. برجسته‌ترین نمونه این انقلاب، پروژه AlphaFold است که توسط DeepMind توسعه یافت. مقاله Jumper و همکاران در سال ۲۰۲۱، دستاورد انقلابی AlphaFold را در پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی پروتئین‌ها با دقتی نزدیک به دقت آزمایشگاهی، حتی در مواردی که ساختار همولوگ شناخته شده‌ای وجود نداشت، گزارش کرد.⁸⁰ این موفقیت، که در ارزیابی CASP ۱۴ به اثبات رسید، با ادغام دانش فیزیکی و بیولوژیکی ساختار پروتئین در طراحی الگوریتم یادگیری عمیق حاصل شد. AlphaFold⁸¹ نه تنها یک چالش ۵۰ ساله در زیست‌شناسی را حل کرد، بلکه پتانسیل یادگیری عمیق را در تغییر شکل پژوهش‌های زیست‌فناوری به وضوح نشان داد.

پیش‌بینی ساختار پروتئین یک چالش دیرینه در زیست‌شناسی بود که دهه‌ها تلاش‌های محاسباتی و آزمایشگاهی را به خود اختصاص داده بود. AlphaFold با استفاده از یادگیری عمیق، به دقتی دست یافت که پیش از این غیرممکن به نظر می‌رسید. این نشان می‌دهد که هوش مصنوعی نه تنها ابزاری برای تحلیل داده‌های موجود است، بلکه می‌تواند به "حل مسائل بنیادی" که پیش از این غیرقابل حل بودند، بپردازد. این دستاورد، اعتماد به نفس جامعه علمی را در پتانسیل یادگیری عمیق برای حل مشکلات پیچیده بیولوژیکی افزایش داد. این امر منجر به سرمایه‌گذاری‌های بیشتر در هوش مصنوعی برای کشف دارو، طراحی آنزیم‌ها و مهندسی پروتئین شد و مسیر را برای "طراحی بیولوژی" با کمک هوش مصنوعی هموار کرد.⁸²

معرفی استارت‌آپ‌هایی مانند Basecamp Research (سال ۲۰۲۵) که با استفاده از DNA محیطی (eDNA) بانک‌های ژنومی ایجاد می‌کنند

در سال‌های اخیر، استارت‌آپ‌های نوآوری مانند Basecamp Research در حال ظهور هستند که با



استفاده از رویکردهای نوین، مرزهای زیست‌شناسی شناخته شده را گسترش می‌دهند. Basecamp Research با بهره‌گیری از DNA محیطی (eDNA) و هوش مصنوعی، در حال ساخت بزرگ‌ترین گراف دانش (knowledge graph) از تنوع زیستی زمین است.⁸² این شرکت با جمع‌آوری نمونه‌ها از محیط‌های ناشناخته در سراسر جهان و استخراج و تفسیر DNA میکروارگانیسم‌ها، پایگاه داده‌ای عظیم ایجاد کرده که بیش از ۵ میلیارد رابطه بیولوژیکی را شامل می‌شود.⁸² این رویکرد به هوش مصنوعی امکان می‌دهد تا درک کاملی از وسعت و پیچیدگی زیست‌شناسی داشته باشد و به کشف قوانین پنهان حاکم بر تکامل پروتئین‌ها و طراحی سیستم‌های بیولوژیکی با قابلیت کنترل و عملکرد بی‌سابقه کمک می‌کند. Basecamp Research⁸² در سال ۲۰۲۵ به عنوان یکی از ۱۰ شرکت نوآور برتر در بیوتکنولوژی شناخته شده است.⁸²

Basecamp Research با استفاده از eDNA و هوش مصنوعی، در حال ساخت یک "گراف دانش عظیم" از تنوع زیستی است. این رویکرد، فراتر از توالی‌یابی ژنوم‌های منفرد، به دنبال درک "شبکه‌های بیولوژیکی پیچیده و تعاملات آن‌ها با محیط" است.⁸³ این نشان می‌دهد که هوش مصنوعی در حال حرکت از تحلیل داده‌های "تک‌سطحی" به تحلیل "سیستم‌های پیچیده" و "کل‌نگر" در زیست‌شناسی است. این رویکرد، پتانسیل هوش مصنوعی را در کشف "ماده تاریک میکروبی" (microbial dark matter) و شناسایی آنزیم‌ها و پروتئین‌های جدید با کاربردهای درمانی و صنعتی برجسته می‌کند.⁸³ این امر، نه تنها به حفاظت از محیط زیست کمک می‌کند، بلکه منابع جدیدی برای بیوتکنولوژی و داروسازی فراهم می‌آورد.

مرور کوتاه وضعیت فعلی در سال ۲۰۲۵: بررسی ترندهای نوظهور در ادغام AI با زیست‌فناوری، همکاری‌های دانشگاهی-صنعتی، و ضرورت فصل‌های بعدی

در سال ۲۰۲۵، ادغام هوش مصنوعی با زیست‌فناوری به اوج خود رسیده و ترندهای نوظهوری را در حوزه‌های مختلف رقم زده است. بازار هوش مصنوعی در صنعت داروسازی و بیوتکنولوژی به سرعت در حال رشد است و پیش‌بینی می‌شود تا سال ۲۰۲۵، هوش مصنوعی سالانه بین ۳۵۰ تا ۴۱۰ میلیارد دلار برای بخش داروسازی درآمدزایی کند و ۳۰٪ از داروهای جدید با کمک هوش مصنوعی کشف شوند.⁸⁴

پزشکی شخصی‌سازی‌شده (Personalized Medicine): هوش مصنوعی نقش کلیدی در پزشکی شخصی‌سازی‌شده ایفا می‌کند، از تحلیل داده‌های ژنومی و ریزآرایه برای شناسایی جهش‌ها و واریانت‌های ژنی مؤثر بر پاسخ بیمار به داروها، تا پیش‌بینی بیماری‌ها و طراحی درمان‌های هدفمند.⁸⁵ پیشرفت در توالی‌یابی نسل بعدی (NGS) و هوش مصنوعی/یادگیری ماشین (AI/ML)،



درمان‌های دقیق‌تر و مؤثرتری را ممکن ساخته است.⁸⁶

ویرایش ژن با **CRISPR**: هوش مصنوعی در بهینه‌سازی و تسریع فرآیند ویرایش ژن با فناوری CRISPR-Cas ۹ نقش حیاتی دارد. مدل‌های یادگیری ماشین می‌توانند فعالیت هدف و خارج از هدف (off-target) راهنماهای RNA را پیش‌بینی کنند، که این امر به افزایش دقت و ایمنی ویرایش ژن کمک می‌کند.⁹¹ استارت‌آپ‌هایی مانند Scribe Therapeutics در حال توسعه آنزیم‌های CRISPR سفارشی‌سازی شده با هوش مصنوعی برای آینده‌ای ایمن‌تر در ویرایش ژن هستند.⁹¹

کشف نشانگرهای زیستی (**Biomarker Discovery**): هوش مصنوعی در کشف نشانگرهای زیستی جدید برای تشخیص زودهنگام و پیش‌آگهی بیماری‌ها، به ویژه در سرطان، انقلابی ایجاد کرده است. مدل‌های یادگیری عمیق و یادگیری ماشین قادر به شناسایی الگوها در مجموعه داده‌های عظیم و متنوع هستند که منجر به کشف امضاهای نشانگر زیستی ضروری برای درمان‌های دقیق می‌شود.⁸⁹

همکاری‌های دانشگاهی-صنعتی: این دوره شاهد افزایش چشمگیر همکاری‌ها بین دانشگاه‌ها و صنایع است، زیرا شرکت‌ها به دنبال بهره‌برداری از آخرین نوآوری‌های هوش مصنوعی برای تسریع کشف دارو، بهینه‌سازی کارآزمایی‌های بالینی، و بهبود فرآیندهای تولید هستند.⁸⁴ این همکاری، اکوسیستم بیوتکنولوژی و هوش مصنوعی را به هم نزدیک‌تر کرده و فرصت‌های جدیدی را در تقاطع فناوری، زیست‌شناسی و کارآفرینی ایجاد می‌کند.⁹⁷

ترندهای سال ۲۰۲۵ نشان می‌دهند که هوش مصنوعی دیگر یک فناوری نوپا در بیوتکنولوژی نیست، بلکه به یک "جزء اصلی" در فرآیندهای کشف دارو، کارآزمایی‌های بالینی، پزشکی شخصی‌سازی شده و ویرایش ژن تبدیل شده است. اشاره به "همکاری‌های دانشگاهی-صنعتی" و "افزایش درآمدزایی" نشان‌دهنده بلوغ و پذیرش گسترده هوش مصنوعی در این صنعت است. این تحولات تأکید می‌کند که هوش مصنوعی در حال حاضر از فاز تحقیقاتی اولیه فراتر رفته و به فاز "کاربردی و تجاری" وارد شده است. این به معنای دسترسی سریع‌تر بیماران به درمان‌های نوین، کاهش هزینه‌ها و افزایش کارایی در صنعت بیوتکنولوژی و داروسازی است. همچنین، چالش‌های اخلاقی و تنظیمی⁸⁵ نیز با این بلوغ برجسته‌تر می‌شوند که نشان‌دهنده نیاز به چارچوب‌های جدید برای مدیریت این فناوری قدرتمند است.

۷. نتیجه‌گیری

گزارش حاضر، سیر تحول چشمگیر هوش مصنوعی در زیست‌فناوری را از جرقه‌های اولیه تا انقلاب کنونی ردیابی کرد. این مسیر از اولین دستکاری‌های ژنتیکی و نیازهای محاسباتی در دهه‌های ۱۹۷۰



و ۱۹۸۰ آغاز شد، با ظهور بیوانفورماتیک و ابزارهایی مانند BLAST در دهه ۱۹۹۰ به بلوغ رسید، با پروژه ژنوم انسان و میکروآرایه‌ها در دهه ۲۰۰۰ به انفجار داده‌ها و کاربرد گسترده یادگیری ماشین انجامید، و در نهایت با ظهور یادگیری عمیق و دستاوردهایی مانند AlphaFold و استارت‌آپ‌های نوآورانه در دهه ۲۰۱۰ و ۲۰۲۰ به "عصر هوش مصنوعی قوی" وارد شد. در هر مرحله، هوش مصنوعی نه تنها به عنوان یک ابزار کمکی، بلکه به عنوان یک نیروی محرکه اصلی برای پیشرفت‌های بیولوژیکی عمل کرده است. افزایش روزافزون پیچیدگی داده‌های زیستی و توانایی‌های بی‌نظیر هوش مصنوعی در پردازش، تحلیل و استخراج الگوها، اهمیت این همگرایی را بیش از پیش آشکار می‌سازد و آن را به ستون فقرات تحقیقات و نوآوری‌های آینده در زیست‌فناوری تبدیل می‌کند.

آینده هوش مصنوعی در زیست‌فناوری مملو از پتانسیل‌های بی‌شمار است. از جمله چشم‌اندازهای آتی می‌توان به موارد زیر اشاره کرد:

- نقش هوش مصنوعی در ویرایش ژن با **CRISPR**: هوش مصنوعی می‌تواند دقت و کارایی سیستم‌های CRISPR را با پیش‌بینی دقیق‌تر مکان‌های هدف و کاهش اثرات خارج از هدف (off-target effects) به طرز چشمگیری افزایش دهد.^{۹۱} این امر، توسعه درمان‌های ژنتیکی ایمن‌تر و مؤثرتر را برای طیف وسیعی از بیماری‌ها ممکن می‌سازد.
- پزشکی شخصی‌سازی‌شده و طراحی داروها: با تحلیل داده‌های چند اومیکس (multi-omics data) از جمله ژنومیک، پروتئومیک و متابولومیک، هوش مصنوعی می‌تواند به طراحی داروهای اختصاصی برای هر فرد بر اساس ویژگی‌های ژنتیکی و بیولوژیکی منحصر به فرد او کمک کند.^{۸۵} این رویکرد، عوارض جانبی را به حداقل رسانده و اثربخشی درمان را به حداکثر می‌رساند.
- شناسایی نشانگرهای زیستی با مدل‌های **ML**: هوش مصنوعی در کشف نشانگرهای زیستی جدید برای تشخیص زودهنگام بیماری‌ها، پایش پیشرفت آن‌ها و پیش‌بینی پاسخ به درمان، انقلابی ایجاد خواهد کرد.^{۸۹} این امر به تشخیص‌های دقیق‌تر و مداخلات درمانی به موقع‌تر منجر می‌شود.
- کشاورزی دقیق و زیست‌تولید (**BioManufacturing**): کاربرد هوش مصنوعی در بهینه‌سازی فرآیندهای کشاورزی (مانند بهبود محصولات، تشخیص بیماری‌های گیاهی) و مقیاس‌پذیری زیست‌تولید صنعتی، فصل‌های جدیدی را در این حوزه خواهد گشود.^{۹۶}

این چشم‌اندازها نشان‌دهنده آینده‌ای هستند که در آن هوش مصنوعی نه تنها به عنوان یک ابزار، بلکه به عنوان یک شریک ضروری در کشف و نوآوری‌های بیولوژیکی عمل خواهد کرد و مرزهای علم زیست‌فناوری را به طور مداوم گسترش خواهد داد.



1. Recombinant DNA in the Lab | National Museum of American History, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://americanhistory.si.edu/collections/object-groups/birth-of-biotech/recombinant-dna-in-the-lab>
2. Construction of Biologically Functional Bacterial Plasmids In Vitro ..., زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.70.11.3240>
3. Construction of Biologically Functional Bacterial Plasmids In Vitro - PNAS, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://www.pnas.org/doi/pdf/10.1073/pnas.70.11.3240>
4. A Brief History of Plasmids - PMC - PubMed Central, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10729939/>
5. Plasmid (1952-1997) - PubMed, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9473441/>
6. Historical Events That Spawned the Field of Plasmid Biology | Microbiology Spectrum, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://journals.asm.org/doi/10.1128/microbiolspec.PLAS-0019-2013>
7. DNA cloning: A personal view after 40 years - PNAS, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.1313397110>
8. Transduction, Plasmids, and the Foundation of Biotechnology | Joshua Lederberg, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://profiles.nlm.nih.gov/spotlight/bb/feature/bacgen2>
9. The art of vector engineering: towards the construction of next-generation genetic tools - PMC - PubMed Central, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6302727/>
10. 5, 2025, مهندسی ژنتیک چیست؟ - علوم پایه - رایا مگ, زمان دسترسی: ژوئن <https://rayamag.com/blog/%D9%85%D9%87%D9%86%D8%AF%D8%B3%DB%8C-%DA%98%D9%86%D8%AA%DB%8C%DA%A9-%DA%86%DB%8C%D8%B3%D8%AA>
11. (PDF) PlasMapper: A web server for drawing and auto-annotating plasmid maps, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن https://www.researchgate.net/publication/8493725_PlasMapper_A_web_server_for_drawing_and_auto-annotating_plasmid_maps
12. PlasMapper: a web server for drawing and auto-annotating plasmid maps - Oxford Academic, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن https://academic.oup.com/nar/article-pdf/32/suppl_2/W660/6209647/gkh410.pdf
13. DNA Sequencing Methods: From Past to Present - PMC, زمان 5, 2025, دسترسی: ژوئن <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11163357/>



14. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors - PubMed, ژوئن 5, 2025, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/271968/>
15. 1975-77: DNA Sequencing, ژوئن 5, 2025, <https://www.genome.gov/25520304/online-education-kit-197577-dna-sequencing>
16. چیست و چگونه انجام می‌شود - مرکز مام ژن, زمان DNA توالی یابی یا تعیین توالی ژوئن 5, 2025, <https://momgene.ir/blog-single/Sanger-sequencing-technology-DNA>
17. The sequence of sequencers: The history of sequencing DNA - PMC, زمان ژوئن 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4727787/>
18. A Short History of Sequencing Part 1: from the first proteins to the Human Genome, ژوئن 5, 2025, <https://bitesizebio.com/13550/a-short-history-of-sequencing-part-1-from-the-first-proteins-to-the-human-genome/>
19. Chapter 1 Introduction - Index of /, ژوئن 5, 2025, <https://ftp.sanger.ac.uk/pub/resources/theses/js18/chapter1.pdf>
20. Smith LM, et al. (1986) Fluorescence detection in automated DNA sequence analysis, ژوئن 5, 2025, <https://libwiki.cshl.edu/confluence/display/HGP/Smith+LM%2C+et+al.+%281986%29+Fluorescence+detection+in+automated+DNA+sequence+analysis>
21. Leroy Hood & Lloyd Smith Develop the First Semi-Automatic DNA Sequencer, ژوئن 5, 2025, <https://historyofinformation.com/detail.php?id=1004>
22. شرکت آزمایشگاهی یاس ژن کوثر, زمان دسترسی: (Sanger sequencing) توالی یابی سنگر ژوئن 5, 2025, <https://yasgene.com/%D8%AA%D9%88%D8%A7%D9%84%DB%8C-%DB%8C%D8%A7%D8%A8%DB%8C-%D8%B3%D9%86%DA%AF%D8%B1-sanger-sequencing/>
23. Oral History | Genome Research | Challenges of the HGP | John Sulston on Limitations of the Sanger Sequencing Method - Library, ژوئن 5, 2025, <http://library.cshl.edu/oralhistory/interview/genome-research/challenges-hgp/sulston-limitations-sanger-sequencing/>
24. What is Bioinformatics? | MDS@Rice, ژوئن 5, 2025, <https://csweb.rice.edu/academics/graduate-programs/online-mds/blog/data-science-bioinformatics>
25. The Bermuda Triangle: The Pragmatics, Policies, and Principles for Data Sharing in the History of the Human Genome Project - PubMed Central, زمان دسترسی: ژوئن 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7307446/>



26. Genomic Identification of Regulatory Elements by Evolutionary Sequence Comparison and Functional Analysis - PubMed Central, ژوئن 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC2882178/>
27. DNA Sequencing Methods: From Past to Present - The Eurasian Journal of Medicine, ژوئن 5, 2025, <https://www.eajm.org/Content/files/sayilar/224/8.pdf>
28. EMBL organism, ژوئن 5, 2025, <https://www.embl.org/about/history/embl-organism>
29. GenBank - Wikipedia, ژوئن 5, 2025, <https://en.wikipedia.org/wiki/GenBank>
30. GenBank - ISOGG Wiki, ژوئن 5, 2025, <https://isogg.org/wiki/GenBank>
31. Timeline | Computer Science @ Stanford - Spotlight Exhibits, ژوئن 5, 2025, <https://exhibits.stanford.edu/cs/about/timeline>
32. DENDRAL | Artificial Intelligence, Machine Learning & Expert Systems - Britannica, ژوئن 5, 2025, <https://www.britannica.com/technology/DENDRAL>
33. Dendral - Wikipedia, ژوئن 5, 2025, <https://en.wikipedia.org/wiki/Dendral>
34. Bioinformatics - Wikipedia, ژوئن 5, 2025, <https://en.wikipedia.org/wiki/Bioinformatics>
35. The Roots of Bioinformatics in Theoretical Biology - PMC - PubMed Central, ژوئن 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3068925/>
36. Backward reasoning as search through AND-OR trees in human problem solving - OSF, ژوئن 5, 2025, <https://osf.io/h9bsu/download/?format=pdf>
37. Backward reasoning through AND/OR trees to solve problems - PMC - PubMed Central, ژوئن 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11872137/>
38. Backward reasoning through AND/OR trees to solve problems - eScholarship.org, ژوئن 5, 2025, https://escholarship.org/content/qt9h4863xm/qt9h4863xm_noSplash_5d381e10258e2e003418b3ca8d154307.pdf?t=ssy99a
39. Matrix Visualization - ResearchGate, ژوئن 5, 2025, https://www.researchgate.net/profile/Wolfgang-Karl-Haerdle/publication/226992265_Matrix_Visualization/links/56b9e39408ae9d9ac67f395e/Matrix-Visualization.pdf
40. History of artificial neural networks - Wikipedia, ژوئن 5, 2025,



- https://en.wikipedia.org/wiki/History_of_artificial_neural_networks
41. A Review: Classification Of Bacterial Microscopic Images Using Artificial Neural Network Approach, ژوئن 5, 2025, دسترسی: <https://www.jetir.org/papers/JETIR1809235.pdf>
 42. Bacteria identification using artificial neural network: a case study of Peptococcaceae Family identification | Request PDF - ResearchGate, ژوئن 5, 2025, دسترسی: https://www.researchgate.net/publication/251873703_Bacteria_identification_using_artificial_neural_network_a_case_study_of_Peptococcaceae_Family_identification
 43. BACTERIAL IDENTIFICATION OF PEPTOCOCCACEAE FAMILY BASED ON BERGEY'S MANUAL VIA ARTIFICIAL NEURAL NETWORK APPROACH | Request PDF - ResearchGate, ژوئن 5, 2025, دسترسی: https://www.researchgate.net/publication/306269852_BACTERIAL_IDENTIFICATION_OF_PEPTOCOCCACEAE_FAMILY_BASED_ON_BERGEY'S_MANUAL_VIA_ARTIFICIAL_NEURAL_NETWORK_APPROACH
 44. Artificial neural networks for diagnosis and survival prediction in colon cancer - PMC, ژوئن 5, 2025, دسترسی: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC1208946/>
 45. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST), ژوئن 5, 2025, دسترسی: <http://csc.columbusstate.edu/carroll/7840/private/papers/BasicLocalAlignmentSearchTool-BLAST.pdf>
 46. (PDF) BLAST Algorithm - ResearchGate, ژوئن 5, 2025, دسترسی: https://www.researchgate.net/publication/230503487_BLAST_Algorithm
 47. Commonly misunderstood parameters of NCBI BLAST and important considerations for users | Bioinformatics | Oxford Academic, ژوئن 5, 2025, دسترسی: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/35/15/2697/5239655>
 48. "BLAST Algorithm". In - IS MUNI, ژوئن 5, 2025, دسترسی: https://is.muni.cz/el/sci/jaro2014/C2135/um/46997701/BLAST_algorithm.pdf
 49. Altschul SF, et al. (1990) Basic local alignment search tool - Confluence Mobile - CSHL Library & Archive Wiki, ژوئن 5, 2025, دسترسی: <https://libwiki.cshl.edu/confluence/display/HGP/Altschul+SF%2C+et+al.+%281990%29+Basic+local+alignment+search+tool>
 50. Quera, ژوئن 5, 2025, دسترسی: <https://quera.org/blog/what-is-a-decision-tree/> (Decision Tree) - مزایا و کاربردها - درخت تصمیم
 51. Predicting Protein Function using Decision Tree - SciSpace, ژوئن 5, 2025, دسترسی: <https://scispace.com/pdf/predicting-protein-function-using-decision-tree-3nu3xr5f5d.pdf>
 52. Prediction of protein-protein interactions using random decision forest



- framework | Bioinformatics | Oxford Academic, ژوئن 5, 2025, <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/21/24/4394/180192>
53. Using a mixture of probabilistic decisions trees for direct prediction of protein function, ژوئن 5, 2025, <https://research.google/pubs/using-a-mixture-of-probabilistic-decisions-trees-for-direct-prediction-of-protein-function/>
 54. GOTrees: Predicting GO Associations from Protein Domain Composition Using Decision Trees - Pacific Symposium on Biocomputing, ژوئن 5, 2025, <https://psb.stanford.edu/psb-online/proceedings/psb05/hayete.pdf>
 55. A Feature-Based Approach to Discrimination and Prediction of Protein Folding Groups - Birkbeck, University of London, ژوئن 5, 2025, <https://titan.dcs.bbk.ac.uk/~mirkin/papers/mirrit.pdf>
 56. Prediction of Protein Function Two Basic Concepts and One Practical Recipe - NCBI, ژوئن 5, 2025, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK6301/>
 57. FAPM: Functional Annotation of Proteins using Multi-Modal Models Beyond Structural Modeling | bioRxiv, ژوئن 5, 2025, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.05.07.593067v1.full-text>
 58. ProtelInfer, deep neural networks for protein functional inference - eLife, ژوئن 5, 2025, <https://elifesciences.org/articles/80942>
 59. Struct2GO: protein function prediction based on graph pooling algorithm and AlphaFold2 structure information | Bioinformatics | Oxford Academic, ژوئن 5, 2025, <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/39/10/btad637/7320010>
 60. First complete sequence of a human genome - National Institutes of Health (NIH) | ژوئن 5, 2025, <https://www.nih.gov/news-events/nih-research-matters/first-complete-sequence-human-genome>
 61. International Human Genome Sequencing Consortium Publishes Sequence and Analysis of the Human Genome, ژوئن 5, 2025, <https://www.genome.gov/10002192/2001-release-first-analysis-of-human-genome>
 62. Lander, E. S. et al. (2001). International Human Genoma ..., ژوئن 5, 2025, <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=2741553>
 63. Initial sequencing and analysis of the human genome. - Scholars@Duke publication, ژوئن 5, 2025, <https://scholars.duke.edu/display/pub695133>
 64. The Bottleneck in Genetic Testing - PMC, ژوئن 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4576699/>



65. First Individual Diploid Human Genome Published By Researchers at J. Craig Venter Institute, ژوئن 5, 2025, <https://www.jcvi.org/media-center/first-individual-diploid-human-genome-published-researchers-j-craig-venter-institute>
66. A part of the human genome sequence - PubMed, ژوئن 5, 2025, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12595674/>
67. The sequence of the human genome - PubMed, ژوئن 5, 2025, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11181995/>
68. Machine Learning in DNA Microarray Analysis for Cancer Classification - Conferences in Research and Practice in Information Technology, ژوئن 5, 2025, <https://crpit.scem.westernsydney.edu.au/confpapers/CRPITV19Cho.pdf>
69. AI Microarray Methods AI Methods for Analyzing Microarray Data Amira Djebbari1*, amira.djebbari@nrc-cnrc.gc.ca Aedin C. Culhane, ژوئن 5, 2025, <https://web.engr.ship.edu/~piffle/AliceArmstrongAIEncyclopedia.pdf>
70. T. R. Golub, D. K. Slonim et al., "Molecular Classification of Cancer ...", ژوئن 5, 2025, <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=891799>
71. DNA Microarray Gene Expression Data Classification Using SVM, MLP, and RF with Feature Selection Methods Relief and LASSO - DergiPark, ژوئن 5, 2025, <https://dergipark.org.tr/en/pub/sdufenbed/issue/39838/453462>
72. Gene expression dataset (Golub et al.) - Kaggle, ژوئن 5, 2025, <https://www.kaggle.com/datasets/crawford/gene-expression>
73. Professor Geoffrey McLachlan - Artificial Intelligence at UQ - The University of Queensland, ژوئن 5, 2025, <https://ai.uq.edu.au/profile/245/geoffrey-mclachlan>
74. A simple implementation of a normal mixture approach to differential gene expression in multiclass microarrays - Oxford Academic, ژوئن 5, 2025, <https://academic.oup.com/bioinformatics/article-abstract/22/13/1608/194054>
75. simple implementation of a normal mixture approach to differential ..., ژوئن 5, 2025, <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/22/13/1608/194054>
76. A Convolutional Neural Network Uses Microscopic Images to Differentiate between Mouse and Human Cell Lines and Their Radioresistant Clones - AACR Journals, ژوئن 5, 2025, <https://aacrjournals.org/cancerres/article/78/23/6703/543840/A-Convolutional-Neural-Network-Uses-Microscopic>



77. Classifying and segmenting microscopy images with deep multiple instance learning - PMC, ژوئن 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4908336/>
78. Ciresan, D., Giusti, A., Gambardella, L. and Schmidhuber, J. (2012) Deep Neural Networks Segment Neuronal Membranes in Electron Microscopy Images. Advances in Neural Information Processing Systems, 25, 2843-2851. - References - Scientific Research Publishing, ژوئن 5, 2025, <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=3806722>
79. Deep Neural Networks Segment Neuronal Membranes in Electron ..., ژوئن 5, 2025, <https://papers.nips.cc/paper/4741-deep-neural-networks-segment-neuronal-membranes-in-electron-microscopy-images>
80. AlphaFold two years on: Validation and impact - PNAS, ژوئن 5, 2025, <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2315002121>
81. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold, ژوئن 5, 2025, <https://econpapers.repec.org/RePEc:nat:nature:v:596:y:2021:i:7873:d:10.1038/s41586-021-03819-2>
82. Basecamp Research — Beyond Known Biology, ژوئن 5, 2025, <https://basecamp-research.com/>
83. Basecamp Research - Graph Database & Analytics - Neo4j, ژوئن 5, 2025, <https://neo4j.com/customer-stories/basecamp-research/>
84. AI in Pharma and Biotech: Market Trends 2025 and Beyond - Coherent Solutions, ژوئن 5, 2025, <https://www.coherentsolutions.com/insights/artificial-intelligence-in-pharmaceuticals-and-biotechnology-current-trends-and-innovations>
85. Review of 2024 publications on the applications of artificial intelligence in rheumatology, ژوئن 5, 2025, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40011358>
86. Personalized Medicine Market Overview 2024-2025 & 2030: - GlobeNewswire, ژوئن 5, 2025, <https://www.globenewswire.com/news-release/2025/03/06/3038037/0/en/Personalized-Medicine-Market-Overview-2024-2025-2030-Oncology-Neurology-and-Cardiology-Lead-Expansion-ext-Generation-Sequencing-and-AI-Revolutionize-Tailored-Treatment-Approaches.html>
87. How Digital & AI Will Reshape Health Care in 2025 | BCG, ژوئن 5, 2025, <https://www.bcg.com/publications/2025/digital-ai-solutions-reshape-health-care-2025>
88. Artificial intelligence for medicine 2025: Navigating the endless frontier - The Innovation, ژوئن 5, 2025, <https://www.the->



- [innovation.org/article/doi/10.59717/j.xinn-med.2025.100120](https://www.innovation.org/article/doi/10.59717/j.xinn-med.2025.100120)
89. AI-driven biomarker discovery: enhancing precision in cancer diagnosis and prognosis, 5, 2025, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40082367/>
90. AI-Derived Blood Biomarkers for Ovarian Cancer Diagnosis: Systematic Review and Meta-Analysis - Journal of Medical Internet Research, 5, 2025, <https://www.jmir.org/2025/1/e67922>
91. Bespoke CRISPR Enzymes Generated By AI for a Safer Genetic Future - SynBioBeta, 5, 2025, <https://www.synbiobeta.com/read/bespoke-crispr-enzymes-generated-by-ai-for-a-safer-genetic-future>
92. Engineering a New Generation of Gene Editors: Integrating Synthetic Biology and AI Innovations - PMC, 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11934138/>
93. Transitioning from wet lab to artificial intelligence: a systematic review of AI predictors in CRISPR - PubMed Central, 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11796103/>
94. AI-driven biomarker discovery: enhancing precision in cancer diagnosis and prognosis - PMC - PubMed Central, 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11906928/>
95. 2025 predictions: Which trends are set to shape the biotech industry this year?, 5, 2025, <https://www.labiotech.eu/in-depth/biotech-trends-2025/>
96. The whack-a-mole governance challenge for AI-enabled synthetic biology: literature review and emerging frameworks - PubMed Central, 5, 2025, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10933118/>
97. These 10 startups join our spring '25 basecamp - Ready to leap from concept to business?, 5, 2025, <https://biotope-incubator.com/these-10-startups-join-our-spring-25-basecamp/>

