

АНАЛИЗ БОЛЬШИХ ДАННЫХ В МЕДИЦИНСКОМ И БИОЛОГИЧЕСКОМ ИССЛЕДОВАНИИ

Сегодня большие данные применяются во всех сферах жизни общества, в том числе и в медицине. С помощью анализа этих данных можно выявлять биомаркеры заболеваний быстрее тем самым выявлять болезни на ранних стадиях, процесс обучения, его качество, а также улучшить саму модель образования. Целью данной статьи является анализ роли больших данных в сфере медицины, также рассматриваются способы применения технологии больших данных в медицине, способы сбора, анализа, хранения и обработки потоков информации, получаемых от пациентов.

ВВЕДЕНИЕ

В последние годы все большее значение приобретает использование анализа больших данных в медицинских и биологических исследованиях. С появлением передовых технологий объем данных, генерируемых в этих областях, вырос в геометрической прогрессии, что требует разработки новых инструментов и методов для обработки и анализа этих данных. Использование анализа больших данных может революционизировать медицинские и биологические исследования, предоставляя информацию о механизмах заболеваний, разработке лекарств и персонализированной медицине. Имея большие наборы данных, исследователи могут выявлять новые закономерности и взаимосвязи, которые ранее были скрыты, что приводит к открытию новых целей для лечения и профилактики заболеваний. Кроме того, анализ больших данных может помочь в переводе фундаментальных научных исследований в клинические приложения. В статье про открытия лекарств [1] обсуждалось использование глубокого обучения, типа искусственного интеллекта, для открытия лекарств и разработки биомаркеров. Авторы описали, как можно использовать глубокое обучение для анализа больших наборов биологических и клинических данных, и привели несколько примеров успешного применения в разработке лекарств. В статье про выявление биомаркеров [2] описан сетевой подход к выявлению прогностических биомаркеров рака. Авторы использовали большой набор данных об экспрессии генов для построения сети генов, идентифицировали несколько генов, которые тесно связаны в сети и связаны с неблагоприятным прогнозом. С тех пор этот подход использовался во многих других исследованиях для определения биомаркеров различных заболеваний. В этой статье [3] описывается разработка модели машинного обучения для прогнозирования прогноза пациентов с немелкоклеточным раком легкого на основе признаков, извлеченных из изображений патологии. Авторы использовали большой набор изображений патологии и клинических данных для обучения модели и продемонстрировали ее способность прогнозировать выживаемость пациентов с высокой точ-

ностью. Эти документы подчеркивают потенциал анализа больших данных для улучшения нашего понимания механизмов заболеваний и разработки новых методов лечения. Целью изучения анализа данных в медицинских и биологических исследованиях является разработка новых инструментов и методов для анализа больших наборов биологических и клинических данных, чтобы лучше понять механизмы заболеваний, определить новые биомаркеры и мишени для лекарств, а также разработать более эффективные методы лечения. Область анализа больших данных в данной сфере является междисциплинарной и объединяет опыт из таких областей, как информатика, статистика, биология и медицина. Цель состоит в том, чтобы использовать возможности больших данных для получения новых сведений о сложных биологических системах, лежащих в основе здоровья и болезней человека, и, в конечном итоге, для улучшения показателей здоровья человека. Выводы, полученные в результате анализа больших данных, могут привести к лучшему пониманию механизмов заболевания, что может помочь в разработке новых диагностических инструментов и методов лечения. Анализируя большие наборы биологических и клинических данных, исследователи могут выявлять закономерности и взаимосвязи, которые ранее были скрыты, что приводит к открытию новых целей для лечения и профилактики заболеваний. Анализ больших данных позволил интегрировать данные из нескольких источников, что помогло исследователям получить более полное представление о биологических системах. Это поможет идентифицировать новые биомаркеры для диагностики и прогнозирования заболеваний и в разработке новых терапевтических стратегий. Использование анализа больших данных в клинических исследованиях может привести к более эффективному и действенному дизайну клинических испытаний. Анализируя данные предыдущих исследований, исследователи могут определить факторы, влияющие на результаты лечения, и разработать прогностические модели реакции пациентов на лечение. Это может помочь повысить точность дизайна клинических испытаний и со-

кратить время и затраты, связанные с выводом на рынок новых методов лечения. Использование анализа больших данных в медицинских и биологических исследованиях произвело революцию в нашей способности понимать сложные биологические системы, выявлять биомаркеры заболеваний и разрабатывать персонализированные методы лечения. Хотя анализ больших данных предлагает огромный потенциал для продвижения медицинских и биологических исследований, он также создает серьезные проблемы, связанные с управлением данными, конфиденциальностью и этическими соображениями. Интеграция различных типов данных и источников, таких как геномика, протеомика и электронные медицинские карты, посредством использования анализа больших данных может изменить наше понимание здоровья и болезней человека, что приведет к новым методам лечения. Принятие политик и стандартов открытых данных повысило доступность медицинских и биологических данных, что позволило исследователям во всем мире легче сотрудничать и обмениваться результатами. Интеграция анализа больших данных с другими появляющимися технологиями, такими как блокчейн и Интернет вещей (IoT), может повысить безопасность, целостность и совместимость данных в медицинских и биологических исследованиях, что приведет к более эффективному и действенному здравоохранению.

Ожидается, что дальнейшее развитие анализа больших данных в медицине и биологических исследованиях приведет к значительному прогрессу в нашем понимании сложных биологических систем и разработке более персонализированных и эффективных решений для здравоохранения. Некоторые потенциальные области будущего развития включают в себя:

1. Прецизионная медицина: анализ больших данных может помочь определить индивидуальные генетические вариации и факторы окружающей среды, которые способствуют развитию болезни, что позволяет разработать персонализированные планы лечения.
2. Открытие лекарств: анализ больших данных можно использовать для выявления новых мишеней для лекарств и прогнозирования эффективности потенциальных лекарств-кандидатов, что может ускорить процесс открытия лекарств.
3. Управление здравоохранением. Анализ больших данных может помочь оптимизировать оказание медицинских услуг за счет выявления закономерностей и тенденций в данных пациентов, улучшения про-

цесса принятия клинических решений и снижения затрат.

4. Медицинская визуализация: анализ больших данных может помочь повысить точность и интерпретацию медицинских изображений, что позволяет выявлять заболевания на более ранних стадиях и проводить более целенаправленное лечение.

В целом, будущее развитие анализа больших данных в медицине и биологических исследованиях, вероятно, приведет к новой эре точного здравоохранения, где лечение и вмешательства будут адаптированы к конкретным пациентам на основе их уникальных генетических и экологических профилей. Это может значительно улучшить результаты лечения и снизить затраты на здравоохранение. Однако необходимо решить серьезные проблемы, связанные с управлением данными, конфиденциальностью и этическими соображениями, чтобы обеспечить безопасное и ответственное использование этих технологий.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, анализ больших данных становится все более важным инструментом в медицинских и биологических исследованиях. Это позволяет исследователям обрабатывать большие объемы данных и выявлять закономерности и тенденции, которые было бы трудно или невозможно обнаружить с помощью традиционных методов. Это привело к значительному прогрессу в нашем понимании сложных биологических систем, биомаркеров заболеваний и персонализированных методов лечения. Однако анализ больших данных также сопряжен с серьезными проблемами, связанными с управлением данными, конфиденциальностью и этическими соображениями. Поэтому исследователи должны тщательно выбирать и оценивать свои источники данных и применять соответствующие методы обработки и анализа данных. В будущем интеграция различных типов данных и источников с помощью анализа больших данных может революционизировать наше понимание здоровья и болезней человека, что приведет к новым методам лечения.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Deep learning for drug discovery and biomarker development / Nature Reviews Drug Discovery, – 2019
2. A network-based approach to identifying cancer prognostic biomarkers / Genome Research, –2008
3. Predicting non-small cell lung cancer prognosis by fully automated microscopic pathology image features / Nature Communications, –2016

Матийко С. В., студент кафедры информатики БГУИР, cvity6692@gmail.com.